

POPULATIONSGENETISCHE UNTERSUCHUNGEN
ZUR FRAGE REGIONALER UNTERSCHIEDE IN DER
VERTEILUNG DER BLUTKÖRPERCHENMERKMALE
S UND s IM VERGLEICH UND IN DER
KOMBINATION MIT DEN MERKMALEN M UND N
IN SÜDBAYERN⁺

Dr. med. Gerhard Meier

1967

⁺ Diese Arbeit wurde mit Unterstützung der Deutschen Forschungsgemeinschaft durchgeführt.

POPULATIONSGENETISCHE UNTERSUCHUNGEN
ZUR FRAGE REGIONALER UNTERSCHIEDE IN DER
VERTEILUNG DER BLUTKÖRPERCHENMERKMALE
S UND s IM VERGLEICH UND IN DER
KOMBINATION MIT DEN MERKMALEN M UND N
IN SÜDBAYERN⁺

Inaugural-Dissertation

zur Erlangung der Doktorwürde der
Hohen Naturwissenschaftlichen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität zu München

vorgelegt von

Dr. med. Gerhard Meier
aus Lohr am Main

München 1965

⁺ Diese Arbeit wurde mit Unterstützung der Deutschen Forschungsgemeinschaft durchgeführt.

1. Berichterstatter: Prof. Dr. Dr. F. Schwarzfischer

2. Berichterstatter: Prof. Dr. Dr. Dr. h. c. K. Saller

Tag der mündlichen Prüfung: 26. Juli 1967



vorgelegt von

Dr. med. Gerhard Meier
aus Lohr am Main

München 1968

Meinen Eltern

gewidmet

Inhaltsverzeichnis

- A. HISTORISCHER ÜBERBLICK
 - B. BEDEUTUNG VON BLUTMERKMALEN FÜR DIE ANTHROPOLOGIE UND HUMANGENETIK (POPULATIONSGENETIK)
 - I. Voraussetzungen für die Anwendbarkeit von Blutmerkmalen in der Anthropologie und Humangenetik
 - II. Untersuchungen verschiedener Populationen
 - C. PROBLEMSTELLUNG
 - D. UNTERSUCHUNGSGUT
 - E. METHODE DER STATISTISCHEN AUSWERTUNG
 - I. Genetisches Modell
 - II. Berechnung und Vergleich der Genfrequenzen sowie Durchmischung in mehreren Populationen
 - 1. Das System Ss
 - 2. Das System MNSS
 - F. ERGEBNISSE
 - I. Ergebnisse der statistischen Berechnungen für die Ss-Faktoren
 - II. Ergebnisse der statistischen Berechnungen für das System MNSS
 - III. Seltene Antigene
 - G. AUSWERTUNG DER BEFUNDE
 - I. Ss-Faktoren
 - II. Das MNSS-System
 - III. Vergleich regionaler Gliederungen
 - IV. Vergleich verschiedener Stichprobenstrukturen
 - H. DISKUSSION
 - I. ZUSAMMENFASSUNG
- Anhang: Statistische Berechnungen
Literaturverzeichnis

A. HISTORISCHER ÜBERBLICK

Nach der Entdeckung des Blutgruppensystems ABO wurden im Jahre 1927 von LANDSTEINER und LEVINE zwei weitere serologisch exakt definierbare Blutmerkmale beschrieben. Die gefundenen Antigene wurden mit M und N bezeichnet. Im darauffolgenden Jahr wurde an Hand detaillierter Resultate die mögliche Vererbungsweise der M/N-Faktoren diskutiert und die heute allgemein akzeptierte Zwei-Gen-Theorie als wahrscheinlichste Erklärung gegeben. WIENER und VAISBERG gaben im Jahre 1931 Formeln für die Berechnung der Genfrequenzen von M und N an.

In den folgenden Jahrzehnten wurden weitere seltene Formen der M- und N-Antigene (N_2 , M_2 , M^G) beschrieben. Das von ALLEN et al. (1958) entdeckte Antigen M^G ist insofern beachtenswert, da es weder mit Anti-M noch mit Anti-N reagiert. 1960 berichteten JACK et al. über einen neuen Antikörper, Anti- M_1 , und postulierten als genetischen Hintergrund 3 Allele, M_1 , M_2 und N, für die jeweils Genfrequenzen angegeben wurden.

1947 wurde klar, daß dieses Blutgruppensystem sich nicht so einfach gestaltete. WALSH und MONTGOMERY beschrieben nämlich einen Antikörper und bezeichneten das dadurch er-

faßte Antigen mit 'S'. Weitere Beispiele von Anti-S als "natürlichem" Antikörper wurden inzwischen mitgeteilt (u.a. VOGEL und ROSENFELD, 1950; COOMBS et al., 1951; CONSTANTOULIS et al., 1955; BODART und SPEISER, 1955), teilweise scheinen die Antikörper als Folge von Immunisierungsvorgängen aufgetreten zu sein (PICKLES, 1948; RACE et al., 1949; CUTBUSH und MOLLISON, 1949; COLLINS et al., 1950; VAN LOGHEM et al., 1951; MOLLISON, 1951; LEVINE et al., 1952; HÄSSIG und LEYA, 1953).

1951 wurde von LEVINE et al. über einen neuen Antikörper berichtet, Anti-s, dessen Reaktionen sich denjenigen von Anti-S gegenüber entgegengesetzt verhielten. In jedem Falle gehörten die untersuchten Blute hinsichtlich der beiden Agglutinine Anti-S und Anti-s einem der nachstehenden Reaktionstypen an:

		Anti-S	Anti-s
Reaktionstypus	S^+s^-	+	-
	S^+s^+	+	+
	S^-s^+	-	+

In der Folgezeit wurden weitere Beispiele von Anti-s mitgeteilt (SANGER et al., 1953; FUDENBERG und ALLEN, 1957; SIMMONS, 1957; GIBLETT et al., 1958; O'RIORDAN und CANN,

1959). Somit ergab sich, daß Anti-S und Anti-s Agglutinine sind, die zu einem gemeinsamen Blutgruppensystem gehören, dem Ss-System.

1953 berichteten WIENER et al. erstmals über einen Antikörper Anti-U. In einer weiteren Mitteilung über die Verteilung und Vererblichkeit des Faktors U diskutierten WIENER et al. (1954) die Möglichkeit eines Zusammenhangs von Anti-U mit dem MN-Blutgruppensystem. GREENWALT et al. (1954) sprachen von einem Allel der S (s) Blutgruppen (An allele of the S (s) blood group genes). Die Autoren bemerkten, daß die Erythrozyten zweier Personen, die den Faktor U nicht besaßen, weder durch Anti-S noch durch Anti-s agglutiniert wurden. Als einfachste Interpretation dieses Phänomens, das sich auch in Absorptionsversuchen bestätigte, schlugen GREENWALT et al. vor, Anti-U als Anti-Ss aufzufassen, d.h. als einen Antikörper, der sowohl gegen das Antigen S als auch gegen das Antigen s gerichtet ist. Nach den experimentellen Untersuchungen von HACKEL (Elution von Anti-U aus SS- und ss-Zellen) handelt es sich bei diesem Anti-U nicht um eine Mischung zweier trennbarer Komponenten, Anti-S und Anti-s, sondern um eine einzige Komponente, die sowohl für das S-Antigen wie das s-Antigen spezifisch ist. Anti-U ist daher als Anti-Ss aufzufassen, nicht als Anti-S und Anti-s, solange keine Auftrennung möglich ist (HACKEL). Eine weitere Veröffentlichung über die Sensibilisierung gegen den Faktor U stammt von SAMPSON et al. (1959). Die Autoren weisen in ihrer Arbeit insbesondere auf die in diesem Zusammenhang anstehenden praktischen Probleme hin.

Ein genetischer Zusammenhang zwischen dem Ss-Blutgruppensystem einerseits und dem MN-System andererseits wurde erstmals von SANGER und RACE (1947) postuliert und in ausgedehnten Familienuntersuchungen bestätigt. Dennoch sind die beobachteten Sachverhalte in ihrer genetischen Interpretation noch nicht endgültig geklärt. Wir werden auf dieses Problem an anderer Stelle zurückkommen.

Durch weitere Antigene (Hu, He, M^e, Mi^a, Vw) wurde das MNSS-System zu einem Komplex, durch den verschiedene genetische Probleme aufgeworfen wurden. Die genetische Lokalisation der Eigenschaften Hu, He, Mi^a und Vw, die alle ohne Zweifel zum MNSS-System gehören, ist noch ungeklärt. Ein Zusammenhang zwischen Mi^a und Vw wurde erstmals von LEVINE et al. (1956) demonstriert, sodann durch weitere Arbeiten, insbesondere von MOHN et al. (1958) sowie CLEGHORN (1961) beleuchtet.

VAN DER HART et al. beschrieben 1958 ein zum MNSS-Blutgruppensystem gehöriges Antigen Vr, das mit dem Genkomplex Ms gekoppelt war. Über zwei weitere mit dem MNSS-System eng verbundene Antigene berichtete CLEGHORN (1962). Es wurden die Bezeichnungen St^a (Stones) und Ri^a (Ridley) vorgeschlagen. Die Stellung des 1962 von SWANSON und MATSON mitgeteilten Antigens Mt^a (Martin) ist noch ungeklärt.

B. DIE BEDEUTUNG VON BLUTMERKMALEN FÜR DIE ANTHRO-
POLOGIE UND HUMANGENETIK (POPULATIONSGENETIK)

Durch Untersuchungen des in den Heeren der Entente im Jahre 1918 bei Saloniki versammelten Völkermaterials inaugurierten erstmals Ludwig und Hanna HIRSZFELD eine Befruchtung der Anthropologie aus der Feststellung von Unterschieden in der geographischen Verteilung des Blutgruppensystems ABO. Seit dieser ersten Veröffentlichung spannt sich ein Bogen zahlreicher Abhandlungen bis zu dem synoptischen Versuch von MOURANT (1954) sowie MOURANT et al. (1958) über die Verteilung der menschlichen Blutgruppen in der ganzen Welt. Neben Blutkörperchenmerkmalen gewinnen in der letzten Zeit erbliche Serumeigenschaften (Haptoglobin, Transferrin, gruppenspezifische Komponente (Gc) u.a.) immer mehr an Bedeutung. Darüberhinaus umfaßt dieser Zweig der physiologischen Anthropologie, die sog. Sero-Anthropologie die Untersuchung selektiver Wirkungen von Blutgruppensystemen sowie die Selektivwirkungen unverträglicher Kombinationen. So wurden in letzter Zeit insbesondere von VOGEL verschiedene mögliche Einflüsse für das Entstehen der heute vorhandenen Unterschiede in der ABO-

Häufigkeit bei den verschiedenen Bevölkerungen der Welt diskutiert. Ferner gehören in das Gebiet der Sero-Anthropologie die Phylo- und Ontogenese der Blutmerkmale einschließlich der Paläoserologie, auf deren Bedeutung vor allem MOLLISON und NUTTAL hingewiesen hatten.

Für die Anwendbarkeit von Blutmerkmalen in der Anthropologie und Populationsgenetik stellen die Konstanz, die einwandfreie Bestimmbarkeit und die gesetzmässige Vererbung der Blutmerkmale unbedingte Voraussetzungen dar.

I. Voraussetzungen für die Anwendbarkeit von Blutmerkmalen in der Anthropologie und Humangenetik (Populationsgenetik)

Im medizinischen Schrifttum wurden bis zum Jahre 1929 Vermutungen über die Wandelbarkeit von Blutmerkmalen geäußert, obwohl bereits LANDSTEINER darauf hingewiesen hatte, daß sich die Blutgruppenzugehörigkeit nicht ändere. Durch systematische Nachuntersuchungen konnte der Nachweis der Umweltstabilität (Konstanz) der Blutmerkmale des Menschen geführt werden (RAESTRUP).

Die Bestimmung der Faktoren S und s erfolgte mit Hilfe der sog. Röhrchenmethode. Eine Kontrolle dieser Blut-

merkmale durch das Testen der Serumeigenschaften ist nicht möglich. Für die Bestimmung werden Heteroagglutinine benutzt, da in der Literatur nur einige natürlich vorkommende Antikörper beschrieben worden sind, d.h. die gegen S und s gerichteten Antikörper nur sehr selten vorkommen.

Das Anti-S-Serum steht in Form eines salinen Agglutins zur Verfügung und wird in einer Technik angewendet, die der entspricht wie sie bei salinem agglutinierenden Rh-Hr-Antiserum verwendet wird. In ein kleines Teströhrchen von ca. 7 mm innerem Durchmesser wurde je 1 Tropfen einer ca. 5%igen Blutkörperchensuspension und 1 Tropfen Anti-S-Testserum gegeben. Nach einer einstündigen Inkubation bei 37° C wurde das Sediment auf Agglutination hin geprüft. Zweifelhafte Resultate wurden nicht beobachtet. Nachstehend ist die Reaktionsweise schematisch wiedergegeben:

Anti-S-Testserum	Blutkörperchen
+	S/?
-	s/s

Wie sich hieraus ergibt, erübrigt sich die Testung von anti-S-negativen Blutkörperchen mit einem Anti-s-Serum.

Jedoch müssen anti-S-positive Individuen zur exakten Bestimmung des Genotyps weiterhin untersucht werden, und zwar mit Anti-s-Serum, um Hetero- oder Homozygotität festzustellen.

Zu diesem Zweck wurde ebenfalls die Röhrchenmethode angewendet. Ein Tropfen der eingangs erwähnten Blutkörperchensuspension wurde mit 1 Tropfen Anti-s-Serum versetzt und 1 Stunde bei 37° C inkubiert. Da es sich bei diesem Blutkörperchenmerkmal um einen sog. inkompletten Antikörper handelt, war stets der Coombs-Test anzuschließen, dessen Prinzip an anderer Stelle ausführlich abgehandelt ist; bezüglich der Einzelheiten wird auf die entsprechende serologische Fachliteratur verwiesen.

Die Blutkörperchensuspension wurde daher im Anschluß an die Inkubation mit physiologischer Kochsalzlösung gewaschen. Dem Erythrozytenkonzentrat wurde sodann 1 Tropfen Anti-Human-Serum zugefügt und die Suspension kräftig geschüttelt. Nach einminütigem Zentrifugieren bei 1000 Umdrehungen/Minute wurde das Sediment auf Agglutination geprüft. Zweifelhafte Resultate wurden nicht beobachtet. Nachstehend ist die Reaktionsweise schematisch dargelegt:

Anti-s-Testserum	Blutkörperchen
+	?/s
-	s/s

Als Kontrolle wurden anti-S-negative Blutkörperchen mitgeführt, die mit Anti-s-Serum in jedem Falle eine deutlich positive Reaktion ergeben mußten. Auf das Problem eines eventuellen Dosiseffektes soll hier nicht eingegangen werden. Zusammenfassend ergibt sich somit folgendes Schema:

Anti-S-Testserum	Anti-s-Testserum	Blutkörperchen
+	-	SS
+	+	Ss
-	+	ss

Die zum MNSS-System gehörigen seltenen Blutkörperchenmerkmale M^G und Vw wurden ebenfalls, an jedoch kleinen Versuchsreihen simultan getestet. Es wurde ebenfalls die vorher erwähnte Röhrchenmethode angewendet. Das Reaktionsgemisch wurde in beiden Fällen bis zu 30 Minuten bei Raumtemperatur belassen, anschließend 1 1/2 Minuten bei 1 000 bzw. 1 500 U/Min zentrifugiert und dann auf Agglutination beurteilt. Zweifelhafte Resultate wurden auch hierbei nicht beobachtet.

Die genetische Interpretation der Faktoren S und s war anfangs auf die Differenzierung in die beiden Reaktions-

typen S^+ und S^- (Phänotyp bezüglich Anti-S) beschränkt. Aufgrund der Untersuchungen von RACE und SANGER an 529 englischen Familien handelte es sich bei dem Reaktionstypus S^+ offenbar um ein dominantes, autosomal vererbtes Mendelsches Merkmal. Somit wurde angenommen, daß die Vererbung durch ein autosomales Allelenpaar S bzw. s gesteuert wird (SCHWARZFISCHER und LIEBRICH). Diese bereits 1947 von RACE und SANGER vermutete genetische Interpretation ist nicht nur durch Familienuntersuchungen gut belegt worden, sondern die Entdeckung von Anti-s (1951) ist als Bestätigung dieser Theorie aufzufassen.

Die Genwirkung läßt sich dahingehend interpretieren, daß durch die Allele S bzw. s die Synthese von Antigenen S bzw. s der menschlichen Erythrozyten gesteuert wird, welche durch die Antikörper Anti-S bzw. Anti-s spezifisch erfaßt werden. Dabei manifestieren sich die Allele eines homologen Chromosomenpaares kombinant. Aus dieser Theorie lassen sich folgende Regeln ableiten:

1. Ein SS-Individuum kann kein ss-Kind haben.
2. Ein ss-Individuum kann kein SS-Kind haben.
3. Aus einer SS x ss Ehe können nur Ss-Kinder hervorgehen.
4. Aus einer Ss x Ss-Ehe können Kinder dreier Phänotypen hervorgehen.

Die Beobachtung des seltenen Antikörpers Anti-U (Ss) bedeutet eine Erweiterung der Reaktionstypen gegenüber Anti-S. und Anti-s um den Reaktionstypus (-,-). In der vorliegenden Arbeit ist von der Existenz dieses Reaktionstypus abgesehen, da er nach dem bisherigen Wissen bei Weißen, wenn er überhaupt auftritt, sehr selten sein muß (SCHWARZFISCHER und LIEBRICH, RACE und SANGER).

Ein genetischer Zusammenhang zwischen dem Ss-Blutgruppensystem einerseits und dem MN-Blutgruppensystem andererseits wurde erstmals von SANGER und RACE postuliert. Für die in verschiedenen Familienuntersuchungen beobachteten Sachverhalte werden zwei verschiedene Interpretationen diskutiert, deren Einzelheiten von SCHWARZFISCHER und LIEBRICH ausführlich dargelegt wurden.

Nach der Theorie der multiplen Allelie (vornehmlich WIENER) werden vier autosomale Allele

$$L^{MS}, L^{Ms}, L^{NS}, L^{Ns}$$

postuliert; jedes dieser Allele steuert die Synthese eines Agglutिनogens

$$MS, Ms, NS, Ns$$

der menschlichen Erythrozyten.

Jedes dieser Agglutinogene ist Träger mindestens zweier partieller Antigene, von denen das eine spezifisch entweder mit Anti-M oder Anti-N reagiert, während das andere spezifisch mit Anti-S oder Anti-s reagiert. Die beiden Allele eines homologen Chromosomenpaares manifestieren sich dabei kombinant.

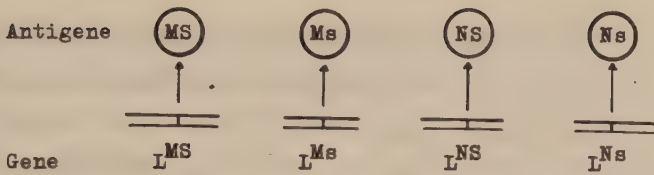
Nach der Theorie der gekoppelten Genorte (vornehmlich SANGER et al., RACE et al.) werden zwei Paare autosomaler Allele

M, N bzw. S, s

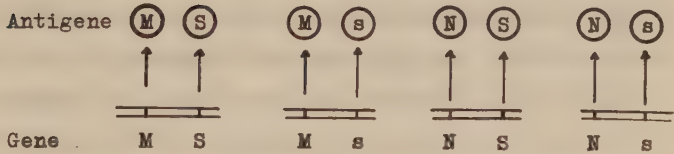
postuliert, die sehr eng benachbarte Orte des gleichen Chromosoms besetzen. Die Allele M und N steuern die Synthese der durch Anti-M und Anti-N spezifisch determinierten Antigene M und N; die Allele S und s steuern die Synthese der durch Anti-S bzw. Anti-s spezifisch determinierten Antigene S und s. Bei jedem dieser Allelenpaare manifestieren sich die Partner eines homologen Chromosomenpaares kombinant; eine Beeinflussung in der Manifestation zwischen den beiden Paaren ist bisher nicht beobachtet worden (SCHWARZFISCHER und LIEBRICH).

Durch das nachstehende Schema sollen die Hypothesen veranschaulicht werden:

Theorie
der mul-
tiplen
Allelie



Theorie
der ge-
koppel-
ten Gen-
orte



Chromosomen für den MNSs-Komplex nach den
Hypothesen von einem Genort bzw. zwei ge-
koppelten Genorten

Über die möglichen Beziehungen zwischen Genen und Antigenen
sowie zwischen Antigenen und Antikörpern wird auch auf STERN
verwiesen.

Eine Entscheidung über die "Richtigkeit" einer der Theorien
ist nach dem heutigen Stand der Kenntnisse noch nicht mög-

lich. Da die beiden Theorien sich in ihren genetischen Konsequenzen nur hinsichtlich der Möglichkeit eines Faktorenaustausches unterscheiden, kommt dieser Frage nur eine theoretische Bedeutung zu (siehe SCHWARZFISCHER und LIEBRICH).

Die Beobachtungen seltener Formen (S^u) wurde bereits eingangs erwähnt (3. Allel auf dem Ss-Locus). In der Literatur sind keine Hinweise auf Mutationen oder Angaben über die theoretische Häufigkeit solcher Ausnahmen vom Erbgang zu eruieren. Hinsichtlich des MN-Systems wurde dieses Problem von HENNINGSSEN und JAKOBSEN diskutiert. Nach VOGEL können wir jedoch über die Mutationsraten der Blutgruppengene überhaupt noch keine Aussagen machen.

II. Untersuchungen verschiedener Populationen

Eine Zusammenstellung von Phänotypen- und Allelenhäufigkeiten in verschiedenen Populationen (Untersuchungen bis 1953) findet sich bei MOURANT. Diese zeigt, daß das Gen S bei einer Stichprobe aus australischen Eingeborenen nicht nachgewiesen werden konnte und in Ozeanien nur mit einer sehr geringen Häufigkeit auftritt. Auch in Afrika zeigt sich eine niedrigere Frequenz für das Gen S als in Europa. Weiterhin fehlt bei vielen afrikanischen Populationen

der bei europäischen Populationen beobachtete Zusammenhang zwischen M/N und S^+/S^- -Typen (SCHWARZFISCHER und LIEBRICH). S ist beinahe gleich verteilt zwischen M und N, während in Indien S wieder hauptsächlich mit M verbunden ist. Nach SALLER zeigen die Ss-Faktoren stärkere Rassenunterschiede und eine andere Verteilung als die MN-Faktoren. Über die Häufigkeit der Merkmale S und s im europäischen Raum sowie deren Erfassung mit den Faktoren M und N sei nachstehende Übersicht gegeben:

	S	s	MS	Ms	NS	Ns
Engländer (1950) (RACE u. SANGER)	0.3274	0.6726	0.2472	0.2831	0.0802	0.3895
Wien (1955) (SPEISER)	0.3168	0.6832				
Prag (1959) (KOUT)	0.3194	0.6806				
Engländer (1960) (CLEGHORN)	0.3020	0.6980	0.2311	0.3090	0.0709	0.3890
Wien (1961) (HERBICH)	0.3085	0.6915	0.2510	0.2873	0.0575	0.4042
Süddeutschland (SCHWARZFISCHER u. LIEBRICH 1961)	0.3334	0.6665	0.2482	0.2869	0.0847	0.3801
Pilsen (1964) (KULICH)	0.2988	0.7012	0.2460	0.2940	0.0820	0.3780

Wenngleich die vorstehenden Daten nur geringe Abweichungen voneinander erkennen lassen, so können auch innerhalb ethnographisch

zusammengehöriger Volksgruppen lokale Unterschiede nachweisbar sein (SCHWARZFISCHER). Insbesondere für den süddeutschen Raum konnten für verschiedene serologische und andere somatische Merkmale regionale Unterschiede ermittelt werden.

C. PROBLEMSTELLUNG

Im Rahmen einer umfassenden populationsgenetischen Studie über die Verteilung somatischer Merkmale in Süddeutschland haben bisherige Untersuchungen gezeigt, daß in der Häufigkeitsverteilung bestimmter Merkmale regionale Unterschiede bestehen (Augenfarbe, ABO- und MN-Blutgruppensystem, Haptoglobine, Gc-Komponente u.a.). Als weiterer Beitrag zu diesen Ergebnissen soll diese Untersuchung über die Verteilung der Blutkörperchenmerkmale S und s in Südbayern dienen. Bisher liegt zu diesem Problem nur eine Übersichtsarbeit von SCHWARZFISCHER und LIEBRICH vor. In diesem Zusammenhang soll über diese Erhebung hinaus durch Stichproben aus verschiedenen Orten festgestellt werden, ob die Phänotypen SS, Ss und ss bzw. die Allele S und s eine homogene Verteilung zeigen oder ob Unterschiede in der Häufigkeit der verschiedenen Typen auftreten. Weiterhin soll, analog dem Vorgehen bei SCHWARZFISCHER und KLOSE, gegebenenfalls versucht werden, Gebiete gleicher Häufigkeit abzugrenzen und die Ursachen für unterschiedliche Verteilung bzw. Auftreten homogener Teilgebiete zu erörtern. Die gewonnenen Ergebnisse sollen sodann mit denen verglichen werden, wie sie für die Blutkörperchenmerkmale M und N bereits früher erhalten wurden. Nach Kombination dieser beiden Systeme

zu einem einzigen (MNSS) sollen die durch diese Kombination gewonnenen Resultate auf regionale Unterschiede hin untersucht und wieder rückläufig mit den Ergebnissen der beiden Einzelsysteme verglichen werden. Zudem sollen zwei auf verschiedene Weise gewonnene Stichproben (d.h. Ergebnisse aus Gutachtenmaterial mit den Ergebnissen aus Untersuchungen von Blutspendern) einander gegenübergestellt werden.

D. UNTERSUCHUNGSGUT

Das Ausgangsmaterial für die vorliegende Untersuchung basiert auf Blutgruppenbestimmungen an Blutspendern aus dem südbayerischen Raum, die bei Blutspendeaktionen durch die Blutspendezentrale mit Blutbank der Stadt München erfaßt wurden⁺. Hierbei wurde ein Gesamtmaterial von 2.363 Fällen gewonnen.

Die Stichproben sind ohne Berücksichtigung des Geschlechtsunterschiedes nach einem einheitlichen Vorgehen erhoben worden; in allen Fällen handelt es sich um sogenannte Gelegenheitsstichproben, die nicht nach einem vorher geplanten Auswahlverfahren zustande gekommen sind. Die Probanden von einem Mindestalter von 16 Jahren dürften nach den üblichen für Blutspender geltenden Bedingungen gesund sein. Eine bewußte Auslese dieser Probanden nach ihren Blutgruppen liegt nicht vor. Die einzelnen Stichproben sind hinsichtlich ihrer soziologischen Struktur sicher uneinheitlich. Die Blutbank erfaßt bei ihren Entnahmeaktionen sowohl ländlich abgeschlossene wie auch klein- und mittelstädtische Populationen.

⁺ An dieser Stelle sei dem seinerzeitigen Leiter der Blutspendezentrale mit Blutbank der Stadt München, Herrn Dr.med.habil. H. L. Rasch für seine Unterstützung gedankt.

Die bei der Stichprobenentnahme anstehenden Probleme wurden bereits früher von SCHWARZFISCHER (1959) abgehandelt; zuletzt hat KLOSE nochmals darauf hingewiesen, daß das Untersuchungsgut nicht so beschaffen ist, daß es in jeder Beziehung ein vollkommen getreues Abbild der Wirklichkeit repräsentiert, d.h., daß das verwendete Material letztenendes eine Auslese darstellt. Aber abgesehen von der Einsicht, den Idealfall grundsätzlich nicht erreichen zu können, war es bei den gegebenen technischen, finanziellen und zeitlichen Voraussetzungen auch nicht möglich, einen entscheidenden breiteren Bevölkerungsquerschnitt zu untersuchen.

Das zum Vergleich angezogene Material, dessen Ergebnisse von SCHWARZFISCHER und LIEBRICH mitgeteilt wurden, stammte vorwiegend aus Blutgruppenbestimmungen in gerichtlichen Gutachten. Auf die Problematik der Stichprobenentnahme aus forensischen Gutachten wurde dabei ausführlich hingewiesen. Über die Berechtigung, inwieweit Stichproben zweier verschiedener Sammelverfahren einander gegenübergestellt werden dürfen, wird an anderer Stelle näher eingegangen werden.

E. METHODE DER STATISTISCHEN AUSWERTUNG

I. Genetisches Modell

Auch bei dieser Untersuchung wird in Anlehnung an die Arbeiten von BAITSCH und LIEBRICH, SCHWARZFISCHER und LIEBRICH, SCHWARZFISCHER sowie KLOSE von einer panmiktischen, d.h. sich genetisch im Gleichgewicht befindlichen Population ausgegangen. Die Kriterien einer solchen Population finden sich bei WRIGHT. Weiterhin handelt es sich bei den Stichproben um einfache Zufallsstichproben. Ferner bestehen innerhalb der betrachteten Population die gleichen Relationen zwischen den Erwartungswerten der Schätzfunktionen wie zwischen den Phänotypen- und den Allelenhäufigkeiten. Eine weitere selbstverständliche Voraussetzung ist die, daß die vorher angegebene genetische Interpretation zutrifft.

II. Berechnung und Vergleich der Genfrequenzen sowie Durchmischung in mehreren Populationen

1. Das System Ss

Formal wird von einer Population ausgegangen, deren Kriterien und Parameter von BAITSCH und LIEBRICH ausführlich dargelegt wurden. Aus einer solchen Population wird eine

Stichprobe vom Umfang N entnommen, in der a_{SS} Probanden dem Phänotyp SS, a_{Ss} dem Phänotyp Ss und a_{ss} dem Phänotyp ss angehören. Die relativen Häufigkeiten (h) der Phänotypen betragen

$$h_{SS} = \frac{a_{SS}}{N}, \quad h_{Ss} = \frac{a_{Ss}}{N}, \quad h_{ss} = \frac{a_{ss}}{N}$$

und stellen optimale Schätzwerte für die Phänotypenhäufigkeiten innerhalb der untersuchten Population dar. Anhand der relativen Häufigkeit (h) der Phänotypen SS (h_{SS}) und Ss (h_{Ss}) einer Stichprobe läßt sich die relative Frequenz des Gens S (p_S) nach der Formel

$$p_S = h_{SS} + \frac{1}{2} h_{Ss}$$

berechnen. Die nach dem genetischen Modell für die einzelnen Phänotypen zu erwartenden Häufigkeiten (E) ergeben sich nach

$$E(a_{SS}) = p_S^2 \cdot N$$

$$E(a_{Ss}) = p_S(1 - p_S) \cdot 2N$$

$$E(a_{ss}) = (1 - p_S)^2 \cdot N.$$

Die Erwartungswerte unter der Hypothese der völligen Durchmischung kennzeichnen die Abweichungen innerhalb einer Stichprobe von dem Zustand, der bei genetischem Gleichgewicht zu erwarten ist.

In diesem Zusammenhang steht auch der von BAITSCH und LIEBRICH eingeführte Parameter e , den man als Maßzahl e aus den Schätzwerten der untersuchten Population gewinnt. Dieser Parameter (e) charakterisiert die Abweichung der phänotypischen Konstellation einer Population von dem Zustand des genetischen Gleichgewichts. Definitionsgemäß ist

$$e = \frac{4h_{SS}h_{ss} - h_{Ss}^2}{(2h_{SS} + h_{ss})(2h_{ss} + h_{Ss})} = \frac{4h_{SS}h_{ss} - h_{Ss}^2}{4p_S(1 - p_S)}.$$

Daraus ergibt sich:

$e < 0$: Bei Heterozygotenüberschuß, z.B. bei Selektion gegenüber homozygoten Individuen (Homozygoten-defizit),

$e = 0$: Bei genetischem Gleichgewicht,

$e > 0$: Bei Homozygotenüberschuß, z.B. bei Inzucht (Heterozygotendefizit).

Die Hypothese $e = 0$, d.h. die Prüfung der Annahme der Panmixie, erfolgt nach der Prüfgröße

$$\chi^2 = \frac{(4h_{SS}h_{ss} - h_{Ss}^2)^2 \cdot N}{(2h_{SS} + h_{ss})^2 (2h_{ss} + h_{Ss})^2}.$$

Zum Vergleich unabhängiger Stichproben aus mehreren Populationen haben BAITSCH und LIEBRICH über das Zutreffen bzw. die Unterscheidungswahrscheinlichkeit entsprechender Prüfhypothesen für diesen Erbgang berichtet. KLOSE hat das

Merkmal Gc in Südbayern unter diesen Gesichtspunkten untersucht. Die statistischen Verfahren hierfür finden sich bei BAITSCH und LIEBRICH.

2. Das System MNSS

Zur Schätzung von Phänotypen- und Allelenhäufigkeiten bei Verwendung von Anti-M, Anti-N und Anti-S sind von verschiedenen Autoren unterschiedliche Methoden (Wurzelmethoden, Schätzfunktionen nach der Maximum-Likelihood-Methode) angegeben worden. Eine zusammenfassende Darstellung dieser Verfahren findet sich bei SCHWARZFISCHER und LIEBRICH.

In der vorliegenden Untersuchung wurden jedoch vier Antiseren (Anti-M, Anti-N, Anti-S und zusätzlich Anti-s) verwendet. Die Berechnung zur Schätzung der Allelenhäufigkeiten (MS, Ms, NS und Ns) erfolgte nach der Maximum-Likelihood-Methode. Neben den relativen Häufigkeiten der 9 Phänotypen (MMSS, MMSSs, MMss; MNSS, MNSSs, MNss; NNSS, NNSSs, NNss) wurden außerdem die nach der Hypothese der Panmixie zugehörigen Erwartungswerte für diese Phänotypen und die χ^2 -Werte (zur Prüfung der Hypothese der Panmixie) errechnet⁺.

⁺ Die Berechnung der Allelenhäufigkeiten, der Erwartungswerte und der χ^2 -Werte mittels eines Computers (Univac 1107 Fortran IV) verdanke ich Herrn Dr. J. H. Edwards, Department of Social Medicine, The Medical School, Edgbaston, Birmingham (England).

F. ERGEBNISSE

I. Ergebnisse der statistischen Berechnungen für die Ss-Faktoren

Die bei den einzelnen Stichproben erfaßten Individuen wurden einmal nach ihrem Geburtsort, zum anderen nach ihrem Wohnort gegliedert. In der Tabelle 1a sind für das gesamte Untersuchungsgut (mit Ausnahme der außerhalb des südbayerischen Raumes geborenen bzw. wohnhaften Individuen), in der Tabelle 2 für die Einzelstichproben in der Einteilung nach Geburtsorten bzw. Geburtsortlandkreisen, in der Tabelle 3 in der Einteilung nach Wohnorten bzw. Wohnortlandkreisen folgende Parameter zusammengestellt:

1. Stichprobenumfang N ;
2. beobachtete absolute (a) und nach der Hypothese $e = 0$ zugehörige Erwartungswerte ($E(a)$) der drei Phänotypen SS , Ss und ss ;
3. relative Häufigkeiten (h) der drei Phänotypen SS , Ss und ss ;
4. Schätzwert (p) für die Frequenz des Gens S ;
5. Durchmischungsparameter (e)
6. Prüfgröße χ^2 zur Prüfung der Hypothese der Panmixie mit minimaler und maximaler Überschreitungswahrscheinlichkeit in der χ^2 -Verteilung von $n = 1$

Tabelle 1a Gesamtes Untersuchungsgut

	Geburtsort in Südbayern	Wohnort in Südbayern
N	1.275	2.054
a_{SS}	85	144
h_{SS}	6.67 %	7.01 %
$E(a_{SS})$	126.75	199.05
a_{Ss}	634	991
h_{Ss}	49.73 %	48.25 %
$E(a_{Ss})$	550.51	880.72
a_{ss}	556	919
h_{ss}	43.61 %	44.74 %
$E(a_{ss})$	597.74	974.23
p_S	0.3153 ⁺	0.3113 ⁺⁺
e	-0.1516	-0.1252
χ^2	29.329	32.165
P	< 0.1	< 0.1

⁺ Unter Einschluß weiterer 200 außerhalb Südbayerns geborener Individuen ergibt sich die Frequenz $p_S = 0.3132$.

⁺⁺ Unter Einschluß weiterer 53 außerhalb Südbayerns wohnhafter Individuen ergibt sich die Frequenz $p_S = 0.3120$.

Freiheitsgraden. (Die χ^2 -Werte kennzeichnen die Güte der Übereinstimmung mit derjenigen, die unter der Hypothese $e = 0$ zu erwarten ist.)

In einer Karte von Südbayern (Abbildung 1a und 1b) sind die Entnahmeorte und die dazugehörigen Häufigkeiten des Allels S graphisch dargestellt. Die Klasseneinteilung ist bei der Gruppierung nach Geburtsorten (Abbildung 1a) um das Gesamtmittel $p_S = 0.3153 \pm 0.04$, bei der Einteilung nach Wohnorten (Abbildung 1b) um das Gesamtmittel 0.3113 ± 0.04 orientiert. Dabei wurden nur Stichproben mit mehr als 10 Individuen berücksichtigt.

II. Ergebnisse der statistischen Berechnungen für das System MNSs

Die bei den einzelnen Stichproben erfaßten Individuen wurden einmal nach ihrem Geburtsort, zum anderen nach ihrem Wohnort gegliedert. In Tabelle 1b sind für das gesamte Untersuchungsgut (mit Ausnahme der außerhalb des südbayerischen Raumes geborenen bzw. wohnhaften Individuen), in Tabelle 4 in der Einteilung nach Geburtsortlandkreisen, in Tabelle 5 für die Einteilung nach Wohnortlandkreisen folgende Parameter zusammengestellt:

1. Stichprobenumfang N;
2. beobachtete absolute und nach der Hypothese der Panmixie zugehörige Erwartungswerte der 9 Phänotypen (MMSS, MMss, MMss; MNSS, MNss, MNss; NNSS, NNss und NNss);
3. beobachtete relative Häufigkeiten dieser Phänotypen;
4. Maximum-Likelihood-Schätzwerte für die Frequenzen der Gene MS, Ms, NS und Ns;
5. Prüfgröße χ^2 zur Prüfung der Hypothese der Panmixie mit minimaler und maximaler Überschreitungswahrscheinlichkeit in der χ^2 -Verteilung von $n = 6$ Freiheitsgraden.

Von einer kartographischen Darstellung der einzelnen Entnahmeorte mit den dazugehörigen Genfrequenzen wurde wegen der damit verbundenen starken Aufsplitterung des Untersuchungsgutes abgesehen.

III. Seltene Antigene

Im Hinblick auf das Vorkommen seltener zum MNSS-System gehöriger Antigene wurden 128 Individuen mit Anti-M^s und Anti-Vw getestet. Es wurden keine positiven Reaktionen beobachtet.

Tabelle 1b

Gesamtes Untersuchungsgut

Geburtsort in Südbayern				Wohnort in Südbayern		
N				2.054		
	absolute Werte	relative Häufigkeiten(%)	Erwartungswerte	absolute Werte	relative Häufigkeiten(%)	Erwartungswerte
MMSS	55	4.31	77.48	92	4.48	120.83
MMss	241	18.90	198.50	369	17.96	314.59
MMss	119	9.33	127.14	194	9.45	204.76
MNSS	27	2.12	43.35	46	2.24	68.74
MNSS	310	24.31	287.32	492	23.95	460.86
MNSS	266	20.86	296.93	444	21.62	483.45
NNSS	3	0.24	6.06	6	0.29	9.77
NNss	83	6.51	64.84	130	6.33	105.63
NNss	171	13.41	173.37	281	13.68	285.36
MS	0.2465			0.2425		
Ms	0.3158			0.3157		
NS	0.0690			0.0690		
Ns	0.3687			0.3727		
χ^2	33.9833			36.8459		
P	< 0.1			< 0.1		

G. AUSWERTUNG DER BEFUNDE

I. Ss-Faktoren

1. Gesamtmaterial

Bei Betrachtung des gesamten Untersuchungsgutes ergibt der Vergleich zwischen der Einteilung nach Geburtsort einerseits und Wohnort andererseits im südbayerischen Raum keine bedeutenden Unterschiede bei den relativen Phänotypenhäufigkeiten, der Frequenz des Allels S (p_S), dem Durchmischungsparameter (e) sowie den χ^2 -Werten mit ihren entsprechenden Überschreitungswahrscheinlichkeiten (P) für diese Prüfgröße in der zugehörigen χ^2 -Prüfverteilung. Dies bedeutet, daß durch die Zuwanderung von ca. 60% bezogen auf die Gesamtzahl der in Südbayern geborenen Individuen (d.h. von 1.275 auf 2.054 Personen) keine wesentliche Änderung der genetischen Gesamtstruktur eingetreten ist.

Auffallend ist bei beiden Einteilungen die deutliche Differenz zwischen Beobachtungs- und Erwartungswerten der drei Phänotypen. Dieser Unterschied spiegelt sich auch in den hohen χ^2 -Werten wider; sie ergeben nämlich keine gute Übereinstimmung der beobachteten Relation der drei Phänotypen mit derjenigen, die unter der Hypothese $e = 0$ (genetisches Gleichgewicht) zu erwarten ist. Das Mißverhältnis zwischen

Erfahrungs- und Erwartungswerten beruht, wie aus dem Wert von e ersichtlich, auf einem Heterozygotenüberschuß.

2. Einzelstichproben

a. Einteilung nach Geburtsorten

Bei dieser Einteilung mußten eine relativ große Anzahl von Individuen eliminiert werden, so daß teilweise nur geringe Stichprobenumfänge verblieben. Abbildung 1a gibt einen Überblick über die geographische Lokalisation der Entnahmeorte ohne Berücksichtigung von politischen oder physikalischen Grenzen; hierbei wurden nur Stichproben von mehr als 10 Individuen eingetragen. Sie sind nach der Genfrequenz für das Allel S (p_S) klassifiziert. Wie aus Tabelle 2 hervorgeht, ist der Phänotyp SS insgesamt gesehen am seltensten (schwankend um 7%), der Phänotyp Ss am häufigsten (schwankend um 50%) vertreten. Dennoch finden sich selbst bei eng benachbarten Entnahmeorten beträchtliche Unterschiede in der relativen Häufigkeit der 3 Phänotypen und demzufolge auch in der Verteilung des Parameters p_S , des Durchmischungsparameters e (wenngleich er insgesamt gesehen zumeist unter 0 liegt) und der χ^2 -Werte mit ihren entsprechenden Überschreitungswahrscheinlichkeiten P . Unterschiede des beobachteten Umfangs können auf so engem Raum nicht als regionale



Abb. 1a Geographische Lokalisation der Stichproben
(Geburtsorte; $N > 10$)

Unterschiede interpretiert oder durch genetische Kriterien, sondern vielmehr durch den sog. Fehler der kleinen Zahl erklärt werden, der sich scheinbar selbst bei Stichprobenumfängen bis zu $N = 50$ noch bemerkbar macht. Dadurch werden auch die bereits vorher erwähnten Parameterschwankungen (e und χ^2) erklärt. Diese Feststellung zwingt daher zur Aufgabe der Einteilungsmöglichkeit nach einzelnen Entnahmestellen. Wir haben uns deshalb entschlossen, die Stichproben auf Landkreisebene zusammenzufassen, wobei wir uns der mit einer solchen (willkürlichen) Grenzziehung verbundenen Problematik bewusst sind.

b. Einteilung nach Wohnorten

Aus Abbildung 1b ist die geographische Lokalisation der Entnahmestellen zu ersehen. Hier wurden ebenfalls nur Stichproben von mehr als 10 Individuen berücksichtigt; sie wurden nach der Genfrequenz für das Allel S (p_S) klassifiziert. Auch hier ist der Phänotyp SS insgesamt am seltensten (schwankend um 7%), der Phänotyp Ss am häufigsten (schwankend um 48%) vertreten. Obwohl die einzelnen Stichprobenumfänge bei dieser Einteilung durchwegs höher liegen, wurden auch hier die bereits im vorigen Kapitel beschriebenen Schwankungen der einzelnen Parameter (relative Phänotypenhäufigkeiten, Gen-



Abb. 1b Geographische Lokalisation der Stichproben
(Wohnorte; $N > 10$)

frequenz p_S , Durchmischungsparameter e , χ^2 -Wert) zu beobachten. Die einzelnen Stichproben wurden daher in analoger Weise auf Landkreisebene zusammengefaßt.

3. Einteilung nach Landkreisen

a. Geburtsortlandkreise

aa. Phänotypen

Die absoluten und relativen Phänotypenhäufigkeiten für die einzelnen Landkreise ergeben sich aus Tabelle 2. Die Stichprobenumfänge variieren. Wie bereits für die Einzelstichproben festgestellt und auch hier zu erwarten, ist der Phänotyp SS insgesamt gesehen am seltensten, der Phänotyp Ss am häufigsten.

In den relativen Phänotypenhäufigkeiten zeigen sich zum Teil große Schwankungen. Der Phänotyp SS ist am seltensten in den Kreisen Erding (4,08%), Freising (4,03%) und Vilsbiburg (3,45%), wobei wir München (3,77%) wegen seiner Sonderstellung (groß-städtische Struktur) nicht miteinbeziehen wollen; am häufigsten tritt dieser Phänotyp im Landkreis Garmisch-Partenkirchen (14,8%) auf. Mit 42,50% findet sich der Phänotyp Ss am seltensten im Kreis Ingolstadt, am häufigsten im Kreis Freising (57,26%). Der Phänotyp ss ist am geringsten

in den Kreisen Laufen (36,96%) und Traunstein (36,67%), am meisten in den Landkreisen Ingolstadt (52,50%) und Schongau (52,22%) vertreten. Landkreise mit kleineren Stichprobenumfängen wurden bei dieser Gegenüberstellung vernachlässigt. Die in den verschiedenen Kreisen beobachteten Unterschiede in der Häufigkeit der drei Phänotypen läßt sich statistisch sichern.

bb. Genotypen

Zur Charakterisierung der einzelnen Landkreise wurde die Frequenz des Allels S (in der Tabelle 2 mit p_S bezeichnet) angegeben. Abbildung 2a gibt einen Überblick, wobei die Frequenzen, ebenso wie bei den in Abbildung 1a dargestellten Einzelstichproben, um das Gesamtmittel $p_S = 0.3153$ orientiert sind. Das Gen S ist im Landkreis Schongau mit 0.2611 am seltensten, im Kreis Garmisch-Partenkirchen am häufigsten anzutreffen. Hierbei ist besonders interessant, daß diese beiden Kreise aneinander grenzen. Wir werden auf dieses Phänomen später nochmals zurückkommen.

Die zwischen verschiedenen Kreisen bestehenden Unterschiede der Phänotypenhäufigkeiten beruhen auf Differenzen in der Häufigkeit des Allels S zwischen den einzelnen Populationen. In der Größe des Durchmischungsparameters e liegen dagegen

zwischen den Populationen keine statistisch faßbaren Unterschiede vor. Auffallend sind insbesondere die Differenzen zwischen Erfahrungs- und Erwartungswerten bei den größeren Stichprobenumfängen (Kreise Erding, Freising, Miesbach), wo Genfrequenz, Durchmischungsparameter und χ^2 -Werte den für das Gesamtmaterial erhaltenen sehr nahe kommen. Dies bedeutet, daß bei der Zusammenfassung von Landkreisen zu Teilgebieten (Landkreisgruppen) kleinere Stichprobenumfänge nur nach kritischer Prüfung zu verwenden bzw. zu interpretieren sind.

cc. Landkreisgruppen (Teilgebiete)

Bei dieser Einteilung mußten verschiedene Kreise ausgeschieden werden. Auf Grund der kleinen Zahl des Stichprobenumfanges waren die Kreise Eggenfelden und Weilheim von vornherein zu eliminieren. Weiterhin wurde die Stichprobe München nicht berücksichtigt (Grosstadtstichprobe). Außerdem wurden die Landkreise Ingolstadt und Vilsbiburg nicht einbezogen, da eine eindeutige Zuordnung nicht möglich war. Ähnliches gilt für die Landkreise Miesbach, Bad Aibling und Rosenheim. Folgende Landkreisgruppen wurden gebildet (Abb. 2a):

Gruppe 1 (Nord)

Landkreis Pfaffenhofen
Landkreis Freising
Landkreis Erding

Gruppe 2 (West)

Landkreis Fürstenfeldbruck
Landkreis Starnberg
Landkreis Landsberg

Gruppe 3 (Südwest)

Landkreis Schongau

Gruppe 4 (Süd)

- a. Landkreis Garmisch-Partenkirchen
Landkreis Bad Tölz
- b. Landkreis Traunstein
Landkreis Laufen
Landkreis Berchtesgaden

Gruppe 1

Diese Landkreisgruppe zeigt eine dem Gesamtmittel (0.3153) entsprechende Frequenz für das Gen S (0.3172). Die zusammengefaßten Kreise orientieren sich um das Gesamtmittel, während die Landkreise Ingolstadt (0.2625) und Vilsbiburg (0.2759) bereits beachtlich davon abweichen, wobei der Stichprobenumfang von Vilsbiburg zudem nicht allzu groß ist. Mit den unmittelbar südlich angrenzenden Bezirken lassen sich wegen nicht ausreichender Daten keine Vergleiche anstellen. Diese Gruppierung geht mit einer für dieselben Individuen bezüglich des MN-Systems getroffenen Gruppierung weitgehend parallel.

Gruppe 2

Die für das Gen S gefundene Häufigkeit (0.3277) ist etwas über dem Gesamtmittel gelegen. Wegen der relativ kleinen Stichprobenumfänge der einzelnen Landkreise sollte diesem Teilgebiet jedoch keine allzu große Bedeutung beigemessen werden. Von der Gruppe 1, dem anderweitig unberücksichtigt gebliebenen Landkreis München sowie dem Landkreis Schongau hebt sich diese Region deutlich ab. Die vorliegende Gruppierung entspricht auch einem von SCHWARZFISCHER für das MN-System beschriebenen Teilgebiet.

Gruppe 3

Eine Zuordnung dieses Kreises zu einer der angeführten Gruppen war nicht möglich. Wir haben diesen Einzelbezirk dennoch als Teilgebiet angeführt, da der Stichprobenumfang vergleichsweise hoch liegt (er reicht an den der gesamten Gruppe 2 heran), die drei Entnahmeorte eng benachbart sind und sich in geographischer Sicht von der Gruppe 2 sowie dem Kreis Garmisch-Partenkirchen abheben. In seiner Frequenz für das Gen S (0.2611) unterscheidet sich Gruppe 3 nicht nur von den benachbarten Kreisen und den angeführten Gruppen, sondern auch wesentlich vom Gesamtmittel (0.3153). Bereits

aus früheren Untersuchungen (SCHWARZFISCHER) zum ABO- und MN-System ist bekannt, daß der Kreis Schongau stets mit westlich gelegenen Kreisen gruppiert wurde.

Gruppe 4

Einige im Bereich der Alpenkette gelegene Landkreise (Bad Aibling, Rosenheim, Berchtesgaden) weisen nur geringe Stichprobenumfänge auf. Eine Zusammenziehung aller alpenländischen Bezirke ergibt eine Genfrequenz von 0.3379, die sich nicht nur vom Gesamtmittel (0.3153), sondern auch von den bereits erwähnten Gruppen abhebt. Die Kreise Bad Aibling und Rosenheim weisen nur kleine Stichprobenumfänge auf; eine sehr hohe Frequenz (Bad Aibling 0.4000) steht einer niedrigen (Rosenheim 0.2647) gegenüber. Da ein Zusammenfassen beider Landkreise nicht gerechtfertigt erscheint und die Anzahl der Probanden zu gering ist, haben wir diese Landkreise eliminiert; zudem wäre auf Grund der Genfrequenzen eine Zuordnung nur schwerlich möglich gewesen. Wir haben uns daher zu folgender Gliederung entschlossen:

a. Garmisch - Bad Tölz - (Miesbach)

Während sich die vom Gesamtmittel (0.3153) klar abhebenden Kreise Garmisch und Bad Tölz in ihren Frequenzen ähnlich sind, ist dennoch ein Abfall der Genfrequenz von West nach

Ost (0.3796 $\longrightarrow$ 0.3406) festzustellen, der sich weiterhin in den Kreis Miesbach (0.3164) fortsetzt, so daß sich die Frage erhebt, ob Miesbach überhaupt noch in die Gruppe (Garmisch-Partenkirchen und Bad Tölz) einbezogen werden darf. Bei einer früheren Untersuchung zum MN-System wurde dies getan, jedoch weist bereits SCHWARZFISCHER auf die Schwierigkeit einer Zuordnung des Landkreises Miesbach hin. Da bei Einbeziehung von Miesbach ein zu starker Abfall der Genfrequenz von 0.3577 auf 0.3367 eintritt, haben wir diesen Landkreis ebenfalls ausgeschieden. Die für die Gruppierung Garmisch-Partenkirchen mit Bad Tölz errechnete Genfrequenz p_S von 0.3577 unterscheidet sich deutlich von der für alle bisher genannten Gruppen.

b. Traunstein - Laufen - Berchtesgaden

Diese Gruppe liegt ebenfalls wie die Gruppe 4a mit einer Frequenz von 0.3500 deutlich über dem Gesamtmittel (0.3153). Eine Verbindung zu Nachbarlandkreisen läßt sich wegen zu geringer Stichprobenumfänge oder Fehlens von Daten nicht herstellen. Auffallend ist die mit der Gruppe 4a vorhandene Ähnlichkeit in der Genfrequenz p_S . Eine Zusammenfassung ist jedoch wegen der in den geographisch trennenden Bezirken erhobenen Befunde nicht möglich. Diese Gruppe entspricht teilweise einer für das MN-System erhobenen Zusammenstellung (SCHWARZFISCHER).



Abb. 2a

Zusammenfassung der Einzelstichproben
nach Landkreisen (Geburtsortlandkreise)

b. Wohnortlandkreise

Es wurde bereits erwähnt, daß durch die Zuwanderung von ca. 800 außerhalb Südbayerns geborener Individuen keine wesentliche Änderung der genetischen Gesamtstruktur eingetreten ist (I.1.).

aa. Phänotypen

Die absoluten und relativen Phänotypenhäufigkeiten für die einzelnen Landkreise finden sich in Tabelle 3. Die Stichprobenumfänge der verschiedenen Kreise liegen deutlich höher, weisen jedoch Unterschiede auf. Auch hier ergeben sich bei den relativen Phänotypenhäufigkeiten zum Teil beachtliche Schwankungen.

Der Phänotyp SS ist ähnlich wie bei der Einteilung nach Geburtsortlandkreisen am seltensten in den Kreisen Freising (4.47%) und Vilsbiburg (2.39%); am häufigsten tritt dieser Phänotyp ebenso wie bei der Gliederung nach Geburtsortlandkreisen im Bereich von Garmisch-Partenkirchen auf. Mit 41.67% findet sich der Phänotyp am seltensten im Kreis Rosenheim, am meisten im Kreis Berchtesgaden (56.76%) und im Kreis Vilsbiburg (56.52%). Der Phänotyp ss ist am geringsten im Landkreis Garmisch-Partenkirchen (33.66%), am häufigsten im Kreis Miesbach (59.62) vertreten.

bb. Genotypen

Zur Charakterisierung der einzelnen Kreise wurde ebenfalls die Frequenz des Allels S herangezogen; die errechneten Häufigkeiten sind der Tabelle 3 zu entnehmen. Abbildung 2b gibt einen Überblick, wobei die Frequenzen wie bei den in Abbildung 1b dargestellten Einzelstichproben um das Gesamtmittel $p_S = 0.3113$ orientiert sind. Sieht man von der Stadt München (0.2237) ab, so findet sich das Gen S am seltensten in den Kreisen Starnberg (0.2831) und Miesbach (0.2838), am häufigsten ist es - ebenso wie bei der Klassifizierung nach Geburtsortlandkreisen - im Bereich Garmisch-Partenkirchen (0.3960) anzutreffen.

Auch bei dieser Einteilung finden sich zwischen den verschiedenen Landkreisen Unterschiede der Phänotypenhäufigkeiten, die auf Differenzen der Genfrequenz p_S basieren. Wie schon früher beobachtet, fallen auch hier die Diskrepanzen zwischen Erfahrungs- und Erwartungswerten bei den größeren Stichprobenumfängen (Kreise Erding, Freising, Miesbach, Pfaffenhofen) sowie auch bei einigen mittleren auf.

cc. Landkreisgruppen (Teilgebiete)

Die Landkreisgruppen werden im wesentlichen in der unter a. cc. dargestellten Gliederung beibehalten. Die Landkreise

Ingolstadt, Miesbach, Bad Aibling und Rosenheim sowie München wurden aus den bereits früher dargelegten Gründen ausgeschieden; lediglich die Zuordnung des Landkreises Vilsbiburg zur Gruppe 1 und die Aufgabe der Gruppe 3 sind zu diskutieren.

Insgesamt läßt sich feststellen, daß die bei der Einteilung nach Geburtsort-Landkreis-Gruppen beobachteten Abweichungen vom Gesamtmittel bei der Einteilung nach Wohnort-Landkreis-Gruppen weniger ausgeprägt sind. Dies trifft in erster Linie für den Landkreis Schongau zu, der bei der Klassifizierung nach Wohnorten nicht mehr die vorher beobachtete Sonderstellung einnimmt, sondern in seiner Genfrequenz (0.2972) jetzt der Landkreisgruppe 2 entspricht und sich nur noch gegen die Gruppe 4a abhebt.

Gruppe 1

Diese Landkreisgruppe zeigt eine dem Gesamtmittel (0.3113) entsprechende Frequenz p_S von 0.3101, die sich auch gegenüber der Gliederung nach Geburtsorten (0.3171) kaum verändert hat. Das Teilgebiet zeichnet sich insbesondere auch dadurch aus, daß die einzelnen Landkreise unter sich kaum voneinander abweichende Genfrequenzen aufweisen. Der nördlich gelegene Kreis Ingolstadt unterscheidet sich mit sei-

ner Frequenz von 0.3333 deutlich von dieser Gruppierung, lediglich die Zuordnung des Bezirks Vilsbiburg steht zur Diskussion. Der Wohnortlandkreis zeigt gegenüber dem Geburtsortlandkreis einen Anstieg der Genfrequenz von 0.2759 auf 0.3044. Da dieser Unterschied jedoch durch die Zuwanderung von nur 17 Individuen eingetreten ist, haben wir trotz gleicher Genfrequenz von einer Zuordnung zur Gruppe 1 abgesehen.

Gruppe 2

Dieses Teilgebiet liegt mit einer Frequenz $p_S = 0.2996$ nur wenig unter dem Gesamtmittel (0.3113). Durch die Zuwanderung von 150% bezogen auf die ursprüngliche Zahl der Individuen kam es hier zu einem Abfall der Genfrequenz (0.3277 $\rightarrow$ 0.2996). Durch den Anstieg der Genfrequenz p_S im benachbarten Landkreis Schongau (0.2611 $\rightarrow$ 0.2972) steht dessen Eingliederung in die Gruppe 2 zur Debatte. Obwohl dadurch praktisch keine Änderung der Genfrequenz p_S resultierte (0.2996 ohne Einbeziehung, 0.2988 mit Einbeziehung von Schongau) sehen wir von einer Eingliederung ab, da wir die unter a. cc. festgestellte Sonderstellung dieses Landkreises im Hinblick auf die noch ausstehenden Ergebnisse für das MNSS-System vorerst noch nicht aufgeben wollen.

Insgesamt unterscheidet sich Gruppe 2, wie auch bei der Einteilung nach Geburtsorten, in seiner Genfrequenz p_S nicht wesentlich von der Gruppe 1. Der Unterschied zu der unberücksichtigt gebliebenen grosstädtischen Stichprobe (München) bleibt erhalten.

Gruppe 4

Trotz Zuwanderung von Individuen bleiben auch bei dieser Einteilung die bereits vorher (a. cc.) erwähnten geringen Stichprobenumfänge in einigen Landkreisen (Bad Aibling, Rosenheim, Berchtesgaden) bestehen. Eine Zusammenfassung aller alpenländischen Kreise (zum Vergleich mit den Geburtsortlandkreisen) ergibt für das Gen S eine Frequenz von 0.3238, die gegenüber der Einteilung nach Geburtsorten (0.3379) etwas niedriger liegt und sich vom Gesamtmittel (0.3113) kaum abhebt. Die Kreise Bad Aibling und Rosenheim wurden eliminiert. Die verbleibende

Gruppe 4a

zeigt wie bei der Einteilung nach Geburtsorten ein Gefälle des Gens S von West nach Ost. Der Unterschied in der Genfrequenz zwischen dem Kreis Garmisch-Partenkirchen (0.3960) einerseits und den Kreisen Bad Tölz (0.2930) und Miesbach (0.2838) andererseits führt zur Diskussion, ob

die Gruppe 4a in der vorigen Gliederung überhaupt noch weitergeführt werden kann und ob sie nicht vielmehr in einen westlichen (Garmisch-Partenkirchen) und einen östlichen (Bad Tölz und Miesbach) Teil gespalten werden soll. Um die Möglichkeit eines Vergleiches mit den aus dem MNSs-System zu erwartenden Ergebnissen offen zu halten, ziehen wir die Aufteilung der Gruppe 4a der völligen Aufgabe derselben vor. Hierbei unterscheidet sich der Kreis Garmisch-Partenkirchen mit seiner hohen Frequenz (0.3960) von den beiden angrenzenden Kreisen Schongau (0.2972) und Bad Tölz (0.2930) sehr beachtlich, so daß er praktisch eine Sonderstellung einnimmt. Bad Tölz (0.2930) und Miesbach (0.2838) hingegen differieren in ihren Genfrequenzen nur unwesentlich und lassen sich somit als Einheit (0.2868) gegenüber dem westlich und östlich angrenzenden Gebiet abtrennen.

Gruppe 4b

Dieses Teilgebiet zeigt im Vergleich mit der Einteilung nach Geburtsorten (0.3500) eine leichte Zunahme des Gens S (0.3587) und weicht deutlich vom Gesamtmittel (0.3113) ab. Wie bei der Klassifizierung nach Geburtsorten findet sich eine ähnlich hohe Frequenz p_S nur noch im Kreis Garmisch-Partenkirchen, von dem dieses Teilgebiet geographisch jedoch weit getrennt ist.

II. Das MNSSs-System

1. Gesamtmaterial

Bei Betrachtung des gesamten Untersuchungsgutes (Tab. 1b) ergibt der Vergleich zwischen der Einteilung nach Geburtsort und Wohnort - ebenso wie bei den Ss-Faktoren (I. 1.) - keine wesentlichen Unterschiede bei den relativen Phänotypenhäufigkeiten, den Genfrequenzen (MS, Ms, NS und Ns) sowie den χ^2 -Werten mit ihren entsprechenden Überschreitungswahrscheinlichkeiten (P).

Die für die Ss-Faktoren beobachteten Differenzen zwischen Erfahrungs- und Erwartungswerten zeigen sich auch beim MNSSs-System. Für die Phänotypen SS und ss fanden sich wesentlich höhere Erwartungswerte, während für den Typ Ss der Erwartungswert deutlich niedriger lag. Diese Verteilung der Erwartungswerte zeigt sich auch hier, d.h. ohne Rücksicht darauf, ob die Phänotypen (SS, Ss, ss) mit MM, MN oder NN gekoppelt sind. Insgesamt gesehen ist das Gen NS am häufigsten, gefolgt von Ms und MS. Die geringe Häufigkeit des Phänotyps NNSS ist auffällig. Dementsprechend fällt auch die Frequenz des Gens NS von den genannten anderen drei Genkomplexen deutlich ab.

2. Einzelstichproben

Es wurden für alle Entnahmeorte mit Stichprobenumfängen von mehr als 20 Individuen relative Häufigkeiten und Erwartungswerte, Genfrequenzen und χ^2 -Werte errechnet. Bei dieser Gliederung kommt es jedoch zu einer Aufsplitterung des Untersuchungsgutes, die keine Aussagen mehr zuläßt, weswegen wir von einer kartographischen oder tabellarischen Darstellung dieser Daten abgesehen und die untersuchten Individuen auf Landkreisebene zusammengefaßt haben.

3. Einteilung nach Landkreisen

Selbst bei dieser aus den Tabellen 4 und 5 ersichtlichen Klassifizierung nach Geburtsort- und Wohnortlandkreisen zeigen sich teilweise zumindest vom Stichprobenumfang abhängige Schwankungen der Phänotypenhäufigkeiten. Insgesamt gesehen sind die Phänotypen MNSs sowie MNss, MMSs und NNss am häufigsten vertreten. Die Genfrequenzen zeigen nur bei einigen größeren Stichprobenumfängen (z.B. Freising und Pfaffenhofen) Werte, die denen des Gesamtmittels entsprechen; im übrigen finden sich beachtliche Abweichungen vom Gesamtmittel.

Bei der Einteilung nach Geburtsortlandkreisen ist die niedrige MS-Frequenz im Landkreis Schongau (0.1980) auffällig, die mit der bereits früher beschriebenen niedrigen Häufigkeit für das Gen S (0.2611) parallel geht. Entsprechend hoch liegt dafür die Frequenz für das Gen Ms (0.4301). Deutliche Schwankungen finden sich auch für die anderen Genkomplexe; so fällt z.B. die hohe Frequenz für das Gen NS in den Bezirken Laufen (0.1254) und Berchtesgaden (0.1097) auf. Wir wollen jedoch von weiteren Aufzählungen absehen, da die entsprechenden Werte den Tabellen 4 und 5 entnommen und mit denen für das gesamte Untersuchungsgut errechneten (Tabelle 1b) verglichen werden können.

4. Landkreisgruppen

Regionale Gliederungen durch Zusammenfassen einzelner Landkreise lassen sich wegen zu großer Unterschiede in den Genfrequenzen nicht durchführen. Enge Beziehungen bestehen lediglich zwischen den jeweils benachbarten Kreisen Pfaffenhofen und Freising sowie Laufen und Berchtesgaden.

Eine nur zu Vergleichszwecken durchgeführte Berechnung von Genfrequenzen auf der Basis der unter I. 3. cc. an-

geführten Gruppierung ergibt, daß diese Einteilung für das System MNSSs prinzipiell beibehalten werden könnte. Bei der nachstehenden Übersicht (Geburtsort-Teilgebiete)

Teilgebiet	N	MS	Ms	NS	Ns
Gruppe 1	309	0.2540	0.2965	0.0634	0.3861
Gruppe 2	119	0.2435	0.2905	0.0844	0.3816
Gruppe 3	90	0.1986	0.4294	0.0617	0.3103
(Gruppe 4	435	0.2609	0.3084	0.0772	0.3536)
Gruppe 4a	123	0.2568	0.3451	0.1012	0.2969
Gruppe 4b	130	0.2364	0.2984	0.1105	0.3546
Gesamtmittel	1275	0.2465	0.3158	0.0690	0.3687

entsprechen die Gruppen 1 und 2 dem Gesamtmittel. Gruppe 3 hebt sich von der benachbarten Gruppe 2 sowie 4a und vom Gesamtmittel deutlich ab durch die niedrige Frequenz für das Gen MS, eine große Häufigkeit für Ms und eine relativ niedrige für Ns. Die Gruppen 4a und 4b sind sich in den hohen Frequenzen für NS sehr ähnlich und unterscheiden sich damit auch vom Gesamtmittel, weisen jedoch entsprechende Diskrepanzen hinsichtlich Ms und Ns auf.

Bei der folgenden Übersicht (Wohnort-Teilgebiete) zeigt sich, daß sich Gruppe 1 und 2 ähnlich sind, dem Gesamt-

Teilgebiet	N	MS	Ms	NS	Ns
Gruppe 1	582	0.2474	0.3019	0.0630	0.3877
Gruppe 2	302	0.2376	0.3141	0.0624	0.3860
Gruppe 3	180	0.2182	0.3765	0.0792	0.3261
(Gruppe 4	806	0.2497	0.3102	0.0744	0.3657)
Gruppe 4a West	101	0.3003	0.2643	0.0959	0.3395
Ost	394	0.2286	0.3351	0.0584	0.3778
Gruppe 4b	223	0.2529	0.3124	0.1057	0.3289
Gesamtmittel	2054	0.2425	0.3157	0.0690	0.3727

mittel und den für die Geburtsortklassifizierung gefundenen Werten entsprechen. Gruppe 3 weist diesmal weniger extreme Werte auf; jedoch bestehen noch deutliche Unterschiede zum Kreis Garmisch-Partenkirchen (Gruppe 4a West) bezüglich der Gene MS und Ms sowie zur Gruppe 2 (Ms und Ns) und zum Gesamtmittel (MS, Ms und Ns). Innerhalb der Gruppe 4a besteht eine deutliche Trennung zwischen einem westlichen und einem östlichen Anteil (siehe auch Ss-Faktoren). Auffallend ist die hohe Frequenz für das Gen NS im westlichen Teil der Gruppe 4a, die auch bei Gruppe 4b zu beobachten ist und bereits bei der vorhergehenden Einteilung (Geburtsort-Teilgebiete) festgestellt worden war; ansonsten bestehen jedoch auch hier Unterschiede zwischen den Anteilen der Gruppe 4 untereinander sowie gegenüber dem Gesamtmittel.

III. Vergleich der regionalen Gliederungen der Einzelsysteme

Beim Vergleich der regionalen Gliederung der Ss-Faktoren mit der für das MN-System an denselben Individuen früher (MEIER) gewonnenen ergeben sich Parallelen. So decken sich die für die Faktoren S und s gefundenen Gruppen 1, 4a (bei der Einteilung nach Geburtsorten) und 4b teilweise mit den für das System MN gefundenen Teilgebieten. Auch die isolierte Stellung des Gebietes um Schongau kann verglichen werden. Außerdem entsprechen Gruppe 2 einem Teil einer Gruppe, das Teilgebiet 4b vollständig einer Region, wie sie von SCHWARZFISCHER für die Blutkörperchenmerkmale M und N beschrieben wurden.

Bezüglich des Systems MNsS ließen sich auf der Basis der Genfrequenzen (MS, Ms, NS und Ns) der einzelnen Landkreise nur die Bezirke Pfaffenhofen und Freising sowie Lauen und Berchtesgaden zu Einheiten zusammenfassen, die sich auch mit entsprechenden für die MN- und Ss-Faktoren einzeln gefundenen Gruppen decken. Daneben ist wiederum die Sonderstellung Schongaus zu erwähnen.

IV. Vergleich verschiedener Stichprobenstrukturen

Die Gegenüberstellung der im Rahmen dieser Untersuchung erhaltenen Ergebnisse mit den von SCHWARZFISCHER und LIEBRICH gewonnenen, d.h. der Vergleich der Genfrequenzen in Abhängigkeit vom Stichprobenmaterial, ist der nachstehenden Übersicht zu entnehmen.

	Eigene Untersuchungen mit Anti-M, -N, -S und -s	SCHWARZFISCHER u. LIEBRICH mit Anti-M, -N, -S
N	2.054	1.304
S	0.3113	0.3334
MS	0.2425	0.2469
Ms	0.3157	0.2879
NS	0.0690	0.0865
Ns	0.3727	0.3786

Hinsichtlich des Gesamtmaterials ergeben sich bei gleicher Berechnungsmethode für die Genfrequenzen keine wesentlichen Unterschiede. Die geringfügigen Diskrepanzen können noch zufälliger Natur sein; außerdem ist die Verwendung von drei Antiseren (SCHWARZFISCHER und LIEBRICH) gegenüber der von vier Antiseren in der vorliegenden Untersuchung und der damit verbundenen weiteren Information zu berücksichtigen. In diesem Zusammenhang ist auch zu

erwähnen, daß von verschiedenen Autoren an Engländern Untersuchungen durchgeführt wurden, die ähnliche geringfügige Abweichungen in den Genfrequenzen MS, Ms, NS und Ns ergaben (vgl. CLEGHORN, 1960).

RASCH kommt auf Grund seiner zur Verteilung des Blutgruppensystems ABO in Oberbayern durchgeführten Untersuchung zu dem Schluß, daß die auf gerichtlichen Gutachten basierende Stichprobe SCHWARZFISCHERS gegenüber einer andersartig entnommenen (Blutspender) keine Unterschiede zeigt. Dieser Befund ist der nachstehenden Gegenüberstellung zu entnehmen:

	SCHWARZFISCHER	RASCH
r (O)	0.64775	0.654497
p (A)	0.26883	0.265971
q (B)	0.08342	0.079532

In diesem Zusammenhang ist jedoch noch eine Arbeit von WALTER zu erwähnen, welcher zur Frage sozialer Unterschiede in der Verteilung der ABO-, MN- und Rh-Faktoren Stellung genommen hat. Eine an einheimischen westfälischen Schulkindern durchgeführte Untersuchung ergab für die Genotypen und Gene des MN-Systems keine sozialen Unterschiede; allerdings konnten solche für das ABO- und Rh-

System nachgewiesen werden, und zwar bedingt durch ein signifikantes Abweichen der Arbeitergruppe von den übrigen Sozialgruppen. Im letzteren Fall wurden im bevölkerungsgeschichtlichen Bereich liegende Ursachen hierfür diskutiert.

Zum Problem sozialer Unterschiede in der Verteilung der Faktoren M, N, S und s kann auf Grund dieser Arbeit letztlich nicht Stellung genommen werden. Die Tatsache der Übereinstimmung der Genfrequenzen mit den von SCHWARZFISCHER und LIEBRICH erhaltenen, d.h. der Genfrequenzen zweier verschiedener Stichprobenstrukturen, schließt sozialer Unterschiede nicht aus (vgl. WALTER).

H. DISKUSSION

Für die Ss-Faktoren ergibt sich bei unserem nach Wohnorten gegliederten Gesamtmaterial von insgesamt 2.054 Personen für das Gen S in Oberbayern eine Häufigkeit von 0.3113. Diese Frequenz unterscheidet sich kaum von dem von SCHWARZFISCHER und LIEBRICH für den südbayerischen Raum gefundenen Wert und der von SPEISER sowie HERBICH für das Gebiet um Wien errechneten Häufigkeit (0.3168 bzw. 0.3085). Auch gegenüber den für andere mitteleuropäische Populationen England, Tschechoslowakei) mitgeteilten Genfrequenzen zeigen die vorliegenden Ergebnisse keine wesentlichen Abweichungen.

Der Vergleich zweier verschiedener Stichprobenstrukturen, d.h. Blutspender gegenüber einer auf gerichtlichen Gutachten basierenden Stichprobe, läßt keine Abweichungen erkennen. Dies wurde bereits in früheren Untersuchungen für das MN-System (MEIER) festgestellt, ferner von RASCH für das ABO-System sowie von SCHWARZFISCHER für die Systeme ABO, Rh, MN und K. Soziale Unterschiede in der Verteilung von Blutgruppen sind insbesondere im Hinblick auf die Arbeit von WALTER deswegen jedoch nicht ausgeschlossen; zu diesem Problem kann auf Grund der vorliegenden Arbeit nicht Stellung genommen werden, da es sich um eine in soziologischer Hinsicht nicht repräsentative, d.h. nur um einen Teil der Gesamtpopulation handelt (WALTER).

Auch für das MNSS-System ergeben sich gegenüber den Untersuchungen von SCHWARZFISCHER und LIEBRICH sowie anderen Autoren aus dem mitteleuropäischen Bereich keine wesentlichen Abweichungen in den Genfrequenzen MS, Ms, NS und Ns. Dies war auch nicht zu erwarten, wenn für die MN-Typen einerseits und die Ss-Faktoren andererseits keine Diskrepanzen festzustellen waren.

Somit läßt sich für das System Ss sowie für die MNSS-Typen folgern, daß zwischen den Phänotypen- und Allelenhäufigkeiten verschiedener mitteleuropäischer Großpopulationen keine signifikanten Unterschiede bestehen; jedoch steht zur Diskussion, inwieweit zwischen eng benachbarten Teilpopulationen Abweichungen anzutreffen sind.

Die Untersuchung der regionalen Verteilung von Häufigkeiten anderer Merkmale (ABO- und MN-System (SCHWARZFISCHER), Augenfarben (ZIEGELMAYER und LIEBRICH), Haptoglobinsystem (BAITSCH und LIEBRICH), Gc-Komponente (KLOSE)) haben regionale Gliederungen in den bayerischen Regierungsbezirken Schwaben, Oberbayern und Niederbayern ergeben. Somit war auch für die Ss-Faktoren und das MNSS-System auf analoge regionale Unterschiede zu schließen.

Es ist darauf hinzuweisen, daß man hierbei primär von der Gliederung nach Geburtsorten ausgehen sollte, da die zum

Zeitpunkt der vorliegenden Untersuchung getesteten Probanden aus dem südbayerischen Raum stammen, während für die Einteilung nach Wohnorten der Stichprobenumfang in erster Linie durch Zuwanderung aus anderen Gebieten (z.B. Flüchtlinge) ansteigt.

Wenngleich es im Rahmen der vorliegenden Untersuchung aus früher erörterten Gründen nicht möglich war, einen breiten Bevölkerungsquerschnitt im südbayerischen Raum zu untersuchen, haben sich doch gewisse regionale Unterschiede gefunden. Neben einer Gruppe nordöstlich von München und Teilgebieten im Bereich der Alpenkette fiel insbesondere das Gebiet um Schongau durch seine niedrige Frequenz für das Gen S auf. In diesem Zusammenhang ist zu bemerken, daß der Landkreis Schongau bereits in früheren Untersuchungen zum ABO- und MN-System (SCHWARZFISCHER) stets mit anderen, westlich gelegenen, schwäbischen Kreisen zusammengefaßt wurde.

Für das MN_{SS}-System waren regionale Bildungen praktisch kaum durchführbar. Es ließen sich zwei Gebiete (Pfaffenhofen/Freising und Laufen/Berchtesgaden) bilden; außerdem fiel - wie bereits bei den Ss-Faktoren - auch das Gebiet um Schongau auf. Es ist darauf hinzuweisen, daß für das System MN_{SS} wegen der Anzahl der Phänotypen bzw. Ge-

notypen große Stichprobenumfänge untersucht werden müssen, da sonst der sog. Fehler der kleinen Zahl zu falschen Schlußfolgerungen führen könnte. In erster Linie sollten im Grenzbereich Schwaben/Bayern, Oberbayern/Niederbayern und im Bereich der Alpenkette weitere Untersuchungen angestellt werden.

Bereits SCHWARZFISCHER hat darauf hingewiesen, daß für solche regionalen Unterschiede einerseits geographische, z.B. siedlungsgeschichtliche Verhältnisse, andererseits aber auch rein genetische Gegebenheiten von Einfluß sein können. Insbesondere für die Sonderstellung des Landkreises Schongau scheinen siedlungsgeschichtliche Faktoren von Bedeutung, da ein alemannischer Siedlungsast bis in dieses Gebiet vorgedrungen ist (SCHWARZFISCHER) und das Gebiet um Schongau - wie bereits mehrfach ausgeführt - stets mit schwäbischen Kreisen zusammengefaßt wurde. Weiterhin sind als Erklärungsversuch auf genetischer Basis vor allem die Gendrift anzuführen, deren Einfluß BAITSCH und LIEBRICH bei der Verteilung der Haptoglobintypen möglich erscheinen ließen, weil in einigen Stichproben starke Abweichungen vom Gesamtmittel zu beobachten waren. Da für dieses Phänomen der Umfang einer Population eine entscheidende Rolle spielt, kann bei kleinen Populationen eine starke und in

ihrer Auswirkung bedeutende Gendrift vorhanden sein. Auch die zwischen der Einteilung nach Wohnorten und Geburtsorten gefundenen Unterschiede können als Erscheinung eines solchen Effektes gedeutet werden. Gerade für dieses Problem zeigt sich jedoch wiederum die Notwendigkeit größerer Stichprobenumfänge.

In diesem Rahmen ist noch die Frage zu erörtern, inwieweit Mutation und Selektion an der Entstehung von solchen Unterschieden mitgewirkt bzw. in welcher Weise sie an der Balance eines Polymorphismus beteiligt sind (SCHWARZFISCHER und LIEBRICH). In der Literatur sind keine Hinweise über die theoretische Häufigkeit von Mutationsraten zu eruieren und nach VOGEL können wir über solche der Blutgruppengene überhaupt noch keine Aussagen machen. Es ist bekannt, daß der Faktor s Ursache einer Erythroblastosis fetalis sein kann; weitere sichere selektive Wirkungen sind jedoch nicht bekannt. Untersuchungen über einen Zusammenhang zwischen den MNSs-Typen und bestimmten Erkrankungen bzw. über Kopplung zwischen den MNSs-Typen und anderen erblichen Merkmalen haben bisher zu keinen eindeutigen Ergebnissen geführt (SCHWARZFISCHER und LIEBRICH). Von MORTON und CHUNG sowie HIRAIZUMI wurden Selektionseffekte für das System MN diskutiert. Wenngleich WIENER "mathematisch-statistische

Kunstkniffe" zurückweist (PROKOP und UHLENBRUCK), sollten diese Gedankengänge wegen des zwischen dem MN- und Ss-System bestehenden Zusammenhanges nicht unberücksichtigt bleiben. In der vorliegenden Arbeit trat bei den Ss-Faktoren ein deutlicher Heterozygotenüberschuß auf, der durch Nachuntersuchungen überprüft und diskutiert werden sollte. In diesem Zusammenhang sind auch die für das MNSs-System festgestellten Diskrepanzen zwischen Erfahrungs- und Erwartungswerten zu erwähnen. Von einer theoretischen Erörterung dieses Phänomens soll abgesehen werden, bevor nicht in einer zusätzlichen auf großem Stichprobenumfang basierenden Untersuchung weitere Ergebnisse vorliegen.

Die vorliegende kurze Übersicht hat gezeigt, daß zwischen Teilpopulationen erfaßbare Unterschiede bestehen; nur durch die Untersuchung neuer, großer Stichproben sind weitere Aufschlüsse zu erwarten.

I. ZUSAMMENFASSUNG

Im Rahmen einer im Institut für Anthropologie und Humangenetik durchgeführten populationsgenetischen Studie über die Verteilung somatischer Merkmale in Südbayern wurde der Versuch unternommen, in der Verteilung der Blutkörperchenmerkmale S und s im Vergleich und in der Kombination mit den Merkmalen M und N regionale Unterschiede zu ermitteln.

Nach einem historischen Überblick werden die Voraussetzungen für die Anwendbarkeit von Blutmerkmalen in der Anthropologie und Humangenetik (Populationsgenetik) erörtert. Das Gesamtmaterial setzt sich aus selbst ausgeführten Untersuchungen an 2.363 Blutspendern aus dem südbayerischen Raum zusammen. Auf das damit verbundene Problem der Auslese des Untersuchungsgutes wird hingewiesen.

Nach Darlegung der Grundlagen der statistischen Auswertung wurde die Gesamtstichprobe nach Geburtsort und Wohnort bzw. Geburtsort- und Wohnortlandkreisen aufgegliedert und die Genfrequenz für den Faktor S ermittelt. Einzelne Landkreise werden zu Teilgebieten zusammengefaßt, die kartographisch skizziert werden. Zumindest bei der Einteilung nach Geburtsorten lassen sich für einen Bereich nordöstlich von München

im Alpengebiet und die Angrenzung an Südschwaben deutliche Gruppierungen beobachten. Ähnlich wurde bei der Kombination mit den Faktoren M und N zum MNSS-System, d.h. für die Merkmale MS, Ms, NS und Ns vorgegangen; zusätzliche Information konnte nicht gewonnen werden; es wird daher auf die Notwendigkeit größerer Stichprobenumfänge bzw. Nachuntersuchungen hingewiesen.

Für die Ausbildung regionaler Unterschiede werden geographische (siedlungsgeschichtliche) und genetische Faktoren zur Diskussion gestellt. Auf das skizzenhafte der vorliegenden Untersuchung und die damit verbundene kritische Stellungnahme wird hingewiesen.

FREISING	124	5 13.13	71 54.54	48 56.23	4.03	57.26	-38.71	0.3266	-0.3018	11.2918		0.1
Freising	40	1 5.26	27 18.49	12 16.26	2.50	67.50	30.00	0.3625	-0.0168	8.4829	1	0.1
Eching	13	2 1.92	6 6.15	5 4.92	15.38	46.15	38.46	0.3846	0.0250	0.0083	95	90
Moosburg	39	1 4.32	24 17.33	14 17.34	2.56	61.54	35.90	0.3333	-0.3847	5.7620	2	1
Nandlstadt	17	0 0.24	4 3.53	13 13.24	0.0	23.53	76.47	0.1177	-0.0597	0.3069	70	50
Allershausen	15	1 2.40	10 7.20	4 5.40	6.67	66.67	26.67	0.4000	-0.3889	2.2685	20	10
FÜRSTENFELDBRUCK	32	4 3.78	14 14.44	14 13.78	12.50	43.75	43.75	0.3438	-0.0303	0.0297	90	80
Otting	25	2 2.56	12 10.88	11 11.56	8.00	48.00	44.00	0.3200	-0.1029	0.2649	70	50
Gröbenzell	7	2 1.29	2 3.43	3 2.29	28.57	28.57	42.86	0.4286	0.4167	1.2071	30	20
GARMISCH- PARTENKIRCHEN	54	8 7.78	25 25.43	21 20.78	14.81	46.30	38.89	0.3796	0.0170	0.0158	90	80
Mittenwald	19	5 4.75	9 9.50	5 4.75	26.32	47.37	26.32	0.5000	0.0527	0.0526	90	80
Oberammergau	30	3 3.33	14 13.33	13 13.33	10.00	46.67	43.33	0.3333	-0.0501	0.0746	80	70
Garmisch	5	0	2	3								

INGOLSTADT	40	2 2.76	17 15.49	21 21.76	5.00	42.50	52.50	0.2625	-0.0977	0.3830	70	50
Ingolstadt	26	2 2.78	13 11.44	11 11.78	7.69	50.00	42.31	0.3269	-0.1362	0.9481	50	30
Reichertshofen	14	0 0.28	4 3.43	10 10.28	0.0	28.57	71.43	0.1429	-0.1083	0.3024	70	50
LANDSBERG	28	2 2.58	13 11.84	13 13.58	7.14	46.43	46.43	0.3036	-0.0981	0.2688	70	50
LAUFEN	46	3 5.56	26 20.87	17 19.57	6.52	56.52	36.96	0.3478	-0.2458	2.7772	10	5
Verschiedene	20	1 2.81	13 9.38	6 7.81	5.00	65.00	30.00	0.3750	-0.3867	2.9824	10	5
Waging	15	1 1.67	8 6.67	6 6.67	6.67	53.33	40.00	0.3333	-0.1999	0.6013	50	30
Tittmoning	11	1 1.11	5 4.77	5 5.11	9.09	45.45	45.45	0.3182	-0.0476	0.0244	90	80
MIESBACH	128	7 12.81	67 55.37	54 59.81	5.47	52.34	42.19	0.3164	-0.2099	5.6423	2	1
Miesbach	34	1 3.89	21 15.22	12 14.89	2.94	61.76	35.29	0.3382	-0.3797	4.9030	5	2
Hausham	29	2 2.49	13 12.02	14 14.49	6.90	44.83	48.28	0.2931	-0.0817	0.1929	70	50
Schliersee	22	1 2.91	14 10.18	7 8.91	4.55	63.64	31.83	0.3636	-0.4027	3.0065	10	5
Tegernsee	25	2 2.25	11 10.50	12 12.25	8.00	44.00	48.00	0.3000	-0.0476	0.0389	90	80

Holzkirchen	12	1	6	5	8.33	50.00	41.67	0.3333	-0.1251	0.1865	70	50
		1.33	5.33	5.33								
Bayrischzell	6	0	2	4	0.0	33.33	66.67	0.1667	-0.1519	0.2421	70	50
		0.17	1.67	4.17								
MÜNCHEN	106	4	49	53	3.77	46.23	50.00	0.2689	-0.0487	3.2746	10	5
		7.66	41.67	56.66								
PFaffenhofen	87	7	43	37	8.05	49.43	42.53	0.3276	-0.1219	1.2944	30	20
		9.34	38.33	39.34								
Pfaffenhofen	43	4	25	14	9.30	58.14	32.56	0.3837	-0.2293	2.2577	20	10
		6.33	20.34	16.33								
Geisenfeld	44	3	18	23	6.82	40.91	52.27	0.2727	-0.0312	0.0428	90	80
		3.27	17.45	23.27								
ROSENHEIM	34	2	14	18	5.88	41.18	52.94	0.2647	-0.0579	0.1122	80	70
		2.38	13.24	18.38								
SCHONGAU	90	4	39	47	4.44	43.33	52.22	0.2611	-0.1231	1.3667	30	20
		6.14	34.72	49.14								
Schongau	17	0	8	9	0.0	47.06	52.94	0.2353	-0.2783	1.6064	30	20
		0.94	6.12	9.94								
Feiting	44	2	17	25	4.55	38.64	56.82	0.2376	-0.0633	0.1761	70	50
		2.48	15.94	25.57								
Steingaden	29	2	14	13	6.90	48.28	44.83	0.3103	-0.1277	0.4727	50	30
		2.79	12.41	13.79								
STARNBERG	59	3	33	23	5.08	55.93	38.98	0.3305	-0.2639	4.1032	5	2
		6.44	26.11	26.44								
Starnberg	20	1	8	11	5.00	40.00	55.00	0.2500	-0.0667	0.0889	80	70
		1.25	7.50	11.25								

Tutzing	10	1 1.60	6 4.80	3 3.60	10.00	60.00	30.00	0.4000	-0.2500	0.6250	50	30
Gauting	2	0	0	2								
Herrsching	18	1 2.72	12 8.56	5 6.72	5.56	66.67	27.78	0.3889	-0.4026	2.9103	10	5
Gilching	9	0 1.36	7 4.28	2 3.36	0.0	77.78	22.22	0.3889	-0.6270	3.6391	10	5
TRAUNSTEIN	60	5 7.70	33 27.59	22 24.70	8.33	55.00	36.67	0.3583	-0.1961	2.3027	20	10
Verschiedene	13	1 1.56	7 5.88	5 5.56	7.69	53.85	38.46	0.3462	-0.1897	0.4708	50	30
Trostberg	29	2 3.11	15 12.78	12 13.11	6.90	51.72	41.38	0.3276	-0.1740	0.8758	50	30
Marquartstein	18	2 3.12	11 8.75	5 6.12	11.11	61.11	27.78	0.4167	-0.2571	1.1856	30	20
VILSBIBURG	29	1 2.21	14 11.59	14 15.21	3.45	48.28	48.28	0.2759	-0.2083	1.2599	30	20
WEILHEIM	16	1 1.90	9 7.22	6 6.88	6.25	56.25	37.50	0.3443	-0.2466	0.9777	50	30

Tabelle 3

Wohnort-
Landkreise

	N	a_{SS} $E(a_{SS})$	a_{Sg} $E(a_{Sg})$	a_{ss} $E(a_{ss})$	h_{SS}	h_{Sg}	h_{ss}	p_S	e	x^2		
BAD TÖLZ	128	10 10.99	55 53.03	63 63.99	7.81	42.97	49.22	0.2930	-0.0373	0.1777	70	50
Bad Tölz	66	2 7.00	39 28.99	25 30.00	3.03	59.09	37.88	0.3258	-0.3451	7.85423	1	0.1
Langries	35	3 2.58	13 13.84	19 18.58	8.57	37.14	54.29	0.2714	0.0609	0.1288	80	70
Benediktbeuren	27	5 1.56	3 9.87	19 15.56	18.52	11.11	70.37	0.2407	0.6962	13.1280	<	0.1
BAD AIBLING	40	4 4.90	20 18.20	16 16.90	10.00	50.00	40.00	0.3500	-0.0989	0.3913	70	50
BERCHTESGADEN	37	2 4.22	21 16.55	14 16.22	5.41	56.76	37.84	0.3378	-0.2685	2.3836	20	10
ERDING	178	10 16.69	89 75.63	79 85.69	5.62	50.00	44.38	0.3062	-0.1768	5.5675	2	1
Erding	85	3 8.26	47 36.48	35 40.26	3.53	55.29	41.18	0.3118	-0.2884	7.3589	1	0.1
Taufkirchen	38	2 3.79	20 16.42	16 17.79	5.26	52.63	42.11	0.3158	-0.2180	1.8061	20	10
Dorfen	55	5 4.65	22 22.69	28 27.65	9.09	40.00	50.91	0.2909	0.0300	0.0518	90	80
PREISING	246	11 24.42	133 106.17	102 115.42	4.47	54.07	41.46	0.3150	-0.2528	15.7155	<	0.1
Freising	78	3 8.66	46 34.67	29 34.67	3.85	58.97	37.18	0.3333	-0.3268	8.3291	1	0.1

Eching	31	2	12	17	6.45	38.71	54.84	0.2581	-0.0109	0.0034	98	95
		2.06	11.87	17.06								
Moosburg	78	5	45	28	6.41	57.69	35.90	0.3526	-0.2637	5.4216	2	1
		9.69	35.61	32.70								
Nandlstadt	36	1	13	22	2.78	36.11	61.11	0.2083	-0.0947	0.3225	70	50
		1.56	11.87	22.56								
Allershausen	23	0	17	6	Ø	73.91	26.09	0.3696	-0.5749	7.8977	1	0.1
		3.14	10.72	9.14								
FÜRSTENFELDBRUCK	63	6	28	29	9.52	44.44	46.03	0.3175	-0.0256	0.0412	90	80
		6.35	27.30	29.34								
Oleching	28	1	15	12	3.57	53.57	42.86	0.3036	-0.2670	1.9948	20	10
		2.58	11.84	13.58								
Gröbenzell	35	5	13	17	14.29	37.14	48.57	0.3286	0.1583	0.8737	50	30
		3.78	15.44	15.78								
GARMISCH- PARTENKRICHEN	101	13	54	34	12.87	53.47	33.66	0.3960	-0.1177	1.3958	30	20
		15.84	48.32	36.84								
Mittenwald	41	7	24	10	17.07	58.54	24.39	0.4634	-0.1771	1.2886	30	20
		8.80	20.38	11.81								
Oberammergau	60	6	30	24	10.00	50.00	40.00	0.3500	-0.0989	0.5869	50	30
		7.35	27.30	25.35								
INGOLSTADT	75	7	36	32	9.33	48.00	42.67	0.3333	-0.0801	0.4793	50	30
		8.33	33.33	33.33								
Ingolstadt	48	5	27	16	10.42	56.25	33.33	0.3854	-0.1873	1.6846	20	10
		7.13	22.74	18.13								
Reichertshofen	27	2	9	16	7.40	33.33	59.26	0.2407	0.0880	0.2132	70	50
		1.56	9.87	15.56								
LANDSBERG	50	4	26	20	8.00	52.00	40.00	0.3400	-0.1586	1.2584	30	20
		5.78	22.44	21.78								

LAUFEN	74	8	36	30	10.81	48.65	40.54	0.3514	-0.0673	0.3367	70	50
		9.14	33.73	31.14								
Waging	36	2	19	15	5.56	52.78	41.67	0.3194	-0.2138	1.6443	20	10
		3.67	15.65	16.67								
Tittmoning	38	6	17	15	15.79	44.74	39.47	0.3816	0.0520	0.1034	80	70
		5.53	17.93	14.53								
MIESBACH	266	17	117	132	6.39	43.98	49.62	0.2838	-0.0819	1.7855	20	10
		21.43	108.14	136.43								
Miesbach	65	3	31	31	4.62	47.69	47.69	0.2846	-0.1710	1.9066	20	10
		5.27	26.47	33.26								
Hausham	54	5	26	23	9.26	48.15	42.59	0.3333	-0.0834	0.3750	70	50
		6.00	24.00	24.00								
Schliersee	28	1	15	12	3.57	53.57	42.86	0.3036	-0.2670	1.9948	20	10
		2.58	11.84	13.58								
Tegernsee	64	4	24	36	6.25	37.50	56.25	0.2500	0.0	0.0	99	
		4.00	24.00	36.00								
Holzkirchen	37	4	17	16	10.81	45.95	43.24	0.2405	-0.0331	3.8435	5	2
		2.13	13.52	21.34								
Bayrischzell	18	0	4	14	0.0	22.22	77.78	0.1111	-0.0462	0.2778	70	50
		0.22	3.56	14.22								
MÜNCHEN	38	2	13	23	5.26	34.21	60.53	0.2237	0.0149	0.0087	95	90
		1.90	13.20	22.90								
PFÄFFENHOFEN	158	10	77	71	6.33	48.73	44.94	0.3070	-0.1453	3.3439	10	5
		14.89	67.22	75.89								
Pfaffenhofen	97	6	51	40	6.19	52.58	41.24	0.3247	-0.1988	3.8361	10	5
		10.23	42.54	44.23								
Geisenfeld	61	4	26	31	6.56	42.62	50.82	0.2787	-0.0601	0.2221	70	50
		4.74	24.52	31.74								

ROSENHEIM	48	4	20	24	8.33	41.67	50.00	0.2917	-0.0085	0.0033	98 - 95
		4.08	19.83	24.08							
SCHONGAU	180	12	83	85	6.67	46.11	47.22	0.2972	-0.1037	1.9367	20 10
		15.90	75.20	88.90							
Schongau	55	4	25	26	7.27	45.45	47.27	0.3000	-0.0823	0.3721	70 50
		4.95	23.10	26.95							
Peitling	73	4	34	35	5.48	46.58	47.95	0.2877	-0.1365	1.3577	30 20
		6.04	29.92	37.04							
Steingaden	52	4	24	24	7.69	46.15	46.15	0.3077	-0.0833	0.3605	70 50
		4.92	22.15	24.92							
STARNBERG	189	9	89	91	4.76	47.09	48.15	0.2831	-0.1602	4.8472	5 2
		15.14	76.71	97.14							
Starnberg	63	3	31	29	4.76	49.21	46.03	0.2937	-0.1862	2.18298	20 10
		5.43	26.13	31.43							
Tutzing	38	2	14	22	5.26	36.84	57.89	0.2368	-0.0469	0.0136	95 90
		2.13	13.74	22.13							
Gauting	17	0	3	14	0.0	17.65	82.35	0.0882	0.0056	0.1559	70 50
		0.13	2.74	14.13							
Herrsching	40	3	24	13	7.50	60.00	32.50	0.3750	-0.2800	3.1309	10 5
		5.62	18.75	15.62							
Gilching	31	1	17	13	3.23	54.84	41.94	0.4065	-0.2555	3.9897	5 2
		5.12	14.96	10.92							
TRAUNSTEIN	112	12	59	41	10.71	52.68	36.61	0.3705	-0.1294	1.8750	20 10
		15.38	52.24	44.38							
Trostberg	66	7	32	27	10.61	48.48	40.91	0.3485	-0.0676	0.3020	70 50
		8.01	29.97	28.02							
Marquartstein	46	5	27	14	10.87	58.70	30.43	0.4022	-0.2207	2.2390	20 10
		7.44	22.12	16.44							
VILSBIBURG	46	1	26	19	2.39	56.52	41.30	0.3044	-0.3306	5.1119	5 2
		4.30	19.48	22.22							

Tabelle 4

GEBURTSORT- LANDKREIS	N	absolute Werte			Erwartungswerte			relative Häufigkeiten (%)			Genfrequenzen			χ^2	P _{max}	P _{min}
		MNSS	MNSS	MNSS	MNSS	MNSS	MNSS	MNSS	MNSS	MNSS	MS	MS	NS			
BAD TÖLZ	69	4	13	13	3.65	12.71	11.07	5.80	18.84	18.84	.2300	.1107	5.0025	30	20	
		5	10	12	3.51	14.33	14.30	7.25	14.49	17.39	.4005	.2588				
		0	6	6	0.85	3.95	4.62	-	8.70	8.70						
BAD AIBLING	20	1	4	1	2.68	3.07	0.88	5.00	20.00	5.00	.3658	.0347	3.5567	50	30	
		1	8	2	0.51	6.00	3.27	5.00	40.00	10.00	.2095	.3900				
		0	0	3	0.02	0.54	3.04	-	-	15.00						
BERCHTES- GADEN	24	2	1	4	1.20	3.19	2.12	8.33	4.17	16.67	.2238	.1097	7.8425	10	5	
		0	8	3	1.18	5.53	5.27	-	33.33	12.50	.2972	.3692				
		0	3	3	0.29	1.94	3.27	-	12.50	12.50						
ERDING	98	2	12	4	6.25	12.27	6.02	2.04	17.35	4.08	.2526	.0432	6.5002	20	10	
		2	29	21	2.14	24.69	22.17	2.04	29.59	21.43	.2479	.4563				
		0	4	19	0.18	3.86	20.41	-	4.08	19.39						
FEISING	124	5	29	11	8.22	20.66	12.97	4.03	23.39	8.87	.2575	.0692	15.4548	1	0.1	
		0	31	23	4.44	27.90	28.06	-	25.00	18.55	.3234	.3499				
		0	11	14	0.59	6.00	15.18	-	8.87	11.29						
FÜRSTENFELD- BRUCK	32	3	3	1	2.54	4.22	1.76	9.38	9.38	3.13	.2818	.0623	2.6229	70	50	
		1	9	9	1.12	8.54	6.32	3.13	28.13	28.13	.2343	.4217				
		0	2	4	0.12	1.68	5.69	-	6.25	12.50						
GARMISCH- PARTENKIRCHEN	54	6	9	4	4.70	8.61	3.94	11.11	16.67	7.41	.2950	.0850	2.8264	70	50	
		1	12	10	2.71	13.62	10.21	1.85	22.22	18.52	.2702	.3499				
		1	4	7	0.39	3.21	6.61	1.85	7.41	12.96						
INGOLSTADT	40	2	10	7	1.84	6.83	6.34	5.00	25.00	17.50	.2145	.0479	8.7946	10	5	
		0	4	7	0.82	7.35	10.81	-	10.00	17.50	.3982	.3593				
		0	3	7	0.09	1.30	4.61	-	7.50	17.50						

LANDSBERG	28	1	1	2	0.93	2.88	2.23	3.57	3.57	7.14	.1825	4.0505	50	30
		1	9	8	1.24	6.15	6.54	3.57	32.14	28.57	.2821	.4137		
		0	3	3	0.41	2.82	4.79	-	10.71	10.71				
LAUFEN	46	1	8	3	2.28	5.69	3.55	2.17	17.39	6.52	.2226	3.6513	50	30
		2	12	8	2.57	10.87	9.56	4.35	26.09	17.39	.2778	.3743		
		0	6	6	0.72	4.32	6.44	-	13.04	13.04				
MIESBACH	128	6	33	12	10.47	23.12	12.76	4.69	25.78	9.38	.2860	10.8143	5	2
		1	30	21	2.12	29.38	29.85	0.78	23.44	16.41	.3158	.3692		
		0	4	21	0.11	2.74	17.45	-	3.13	16.41				
MÜNCHEN	106	3	21	12	6.37	17.92	12.60	2.83	19.81	11.32	.2452	3.4677	50	30
		1	26	26	1.25	21.82	28.22	0.94	24.53	24.53	.3448	.3860		
		0	2	15	0.06	1.96	15.80	-	1.89	14.15				
PFÄFFENHOFEN	87	4	15	10	5.19	13.57	8.86	4.60	17.24	11.49	.2443	2.9204	70	50
		3	22	15	3.43	19.61	19.76	3.45	25.29	17.24	.3191	.3559		
		0	6	12	0.57	5.00	11.02	-	6.90	13.79				
ROSENHEIM	34	1	2	1	1.33	3.48	2.27	2.94	5.88	2.94	.1981	4.8919	30	20
		1	10	12	0.90	7.60	8.37	2.94	29.41	35.29	.2583	.4768		
		0	5	5	0.15	2.17	7.73	-	5.88	14.71				
SCHONGAU	90	1	20	12	3.54	15.32	16.65	1.11	22.22	13.33	.1980	7.4780	20	10
		2	17	28	2.20	15.84	24.01	2.22	18.89	31.11	.4301	.3101		
		1	2	7	0.34	3.45	8.66	1.11	2.22	7.78				
STARNBERG	59	3	11	4	3.55	9.59	6.47	5.08	18.64	6.78	.2454	9.4178	10	5
		0	16	16	2.47	13.12	13.22	-	27.12	27.12	.3311	.3382		
		0	6	3	0.43	3.40	6.75	-	10.17	5.08				
TRAUNSTEIN	60	2	11	3	4.18	9.60	5.52	3.33	18.33	5.00	.2636	5.8594	30	20
		3	18	15	3.00	14.15	12.31	5.00	30.00	25.00	.3034	.3381		
		0	4	4	0.54	3.85	6.86	-	6.67	6.67				
WILSBIBURG	29	1	6	4	1.47	4.27	3.09	3.45	20.69	13.79	.2254	4.5489	50	30
		0	6	4	0.66	6.15	7.53	-	20.69	13.79	.3267	.3973		
		0	2	6	0.07	1.17	4.58	-	6.90	20.69				

Tabelle 5

		absolute Werte			Erwartungswerte			relative Häufigkeiten (%)			Grenzfrequenzen			
		MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MS	NS	χ^2	$P_{\max}$
WOHNORT- LANDKREIS	N	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	MSS	Me	Ne		$P_{\min}$
BAD TÖLZ														
Bad Tölz	66	0	21	4	4.49	11.11	6.88	-	31.82	6.06	.2607	.0653	16.6397	1
		2	14	11	2.25	14.87	14.96	3.03	21.21	16.67	.3229	.3511		0.1
		0	4	10	0.28	3.03	8.13	-	6.06	15.15				
Lengries	35	2	3	8	0.89	4.60	5.96	5.71	8.57	22.86	.1591	.1124	4.7243	50
		1	6	7	1.25	6.76	9.12	2.86	17.14	20.00	.4127	.3158		30
		0	4	4	0.44	2.48	3.49	-	11.43	11.43				
Benediktbeuren	27	2	0	6	0.39	2.59	4.29	7.41	-	22.22	.1201	.1209	16.2097	1
		2	1	9	0.78	4.94	7.76	7.41	3.70	33.33	.3988	.3603		0.1
		1	2	4	0.39	2.35	3.51	3.70	7.41	14.81				
BAD AIRLING	40	3	5	2	3.58	5.12	1.83	7.50	12.50	5.00	.2992	.0510	10.1106	5
		0	14	7	1.22	11.32	7.46	-	35.00	17.50	.2138	.4361		2
		1	1	7	0.10	1.79	7.61	2.50	2.50	17.50				
BERCHTES- GADEN	37	1	3	5	1.10	3.83	3.35	2.70	8.11	13.51	.1721	.1678	6.8272	20
		1	12	4	2.14	8.31	8.00	2.70	32.43	10.81	.3007	.3593		10
		0	6	5	1.04	4.46	4.78	-	16.22	13.51				
ERDING														
Erding	85	3	15	3	6.07	8.73	3.14	3.53	17.65	3.53	.2672	.0446	12.1915	2
		0	26	10	2.03	23.98	16.21	-	30.59	11.76	.1922	.4960		1
		0	6	22	0.17	3.76	10.91	-	7.06	25.88				

Taufkirchen	38	1	6	1	2.18	4.75	2.59	2.63	15.79	2.63	.2395	.0763	3.5246	50	30
		1	11	10	1.39	9.22	8.39	2.63	28.95	26.32	.2610	.4232			
		0	3	5	0.22	2.46	6.81	-	7.89	13.16					
Dorfen	55	3	8	6	2.68	8.77	7.18	5.45	14.55	10.91	.2208	.0703	1.8049	80	70
		2	11	17	1.71	11.24	13.81	3.64	20.00	30.91	.3613	.3476			
		0	3	5	0.27	2.69	6.65	-	5.45	9.09					
PREISING	246	10	56	24	16.14	40.76	25.74	4.07	22.76	9.76	.2561	.0592	22.9684	<	0.1
		1	59	45	7.45	54.94	57.49	0.41	23.98	18.29	.3234	.3613			
		0	18	33	0.86	10.51	32.11	-	7.32	13.41					
FÜRSTENFELD- BRUCK	63	5	10	5	5.48	10.29	4.83	7.94	15.87	7.94	.2950	.0226	0.2359	>	99
		1	17	14	0.84	15.87	14.15	1.59	26.98	22.22	.2768	.4056			
		0	1	10	0.03	1.15	10.37	-	1.59	15.87					
GARMISCH- PARTENKIRCHEN	101	9	18	6	8.72	16.06	7.39	8.91	17.82	5.94	.2939	.0976	2.9916	70	50
		3	27	18	5.79	25.40	18.47	2.97	26.73	17.82	.2705	.3380			
		1	9	10	0.96	6.66	11.54	0.99	8.91	9.90					
INGOLSTADT	75	6	13	8	5.91	13.74	7.99	8.00	17.33	10.67	.2806	.0526	2.1522	80	70
		1	19	17	2.22	16.90	16.66	1.33	25.33	22.67	.3263	.3404			
		0	4	7	0.21	2.69	8.69	-	5.33	9.33					
LANDSBERG	50	3	9	2	3.43	6.51	3.09	6.00	18.00	4.00	.2619	.0784	3.2879	70	50
		1	12	10	2.05	12.72	10.22	2.00	24.00	20.00	.2485	.4112			
		0	5	8	0.31	3.22	8.46	0.00	10.00	16.00					
LAUFEN	74	4	11	7	4.35	10.95	6.89	5.41	14.86	9.46	.2424	.1089	1.4081	90	80
		4	18	15	3.91	17.24	15.51	5.41	24.32	20.27	.3052	.3434			
		0	7	8	0.88	5.54	8.73	-	9.46	10.81					
MIESBACH	266	10	53	25	15.72	41.29	27.11	4.14	19.92	9.40	.2431	.0404	7.0854	20	10
		6	55	60	5.22	58.24	67.47	2.26	20.68	22.56	.3192	.3972			
		0	9	47	0.43	8.54	41.98	-	3.38	17.67					

MÜNCHEN	38	1	3	4	0.84	4.41	5.83	2.63	7.89	10.53	.1483	.0753	4.6583	50	30
		1	8	16	0.84	6.58	11.45	2.63	21.05	42.11	.3915	.3849			
		0	2	3	0.22	2.20	5.63	-	5.26	7.89					
PFÄFFENHOFEN	158	5	27	17	8.51	23.39	16.06	3.16	17.09	10.76	.2321	.0747	5.0884	30	20
		5	40	31	5.48	34.98	37.72	3.16	25.32	19.62	.3188	.3744			
		0	10	23	0.88	8.83	22.14	-	6.33	14.56					
ROSENHEIM	48	3	5	4	3.27	6.78	3.52	6.25	10.42	8.33	.2609	.0308	1.3512	90	80
		1	14	12	0.77	11.76	11.37	2.08	29.17	25.00	.2707	.4376			
		0	1	8	0.05	1.29	9.19	-	2.08	16.67					
SCHONGAU	180	5	37	22	8.46	29.49	25.71	2.78	20.56	12.22	.2167	.0796	8.5553	10	5
		4	39	43	6.21	36.24	44.32	2.22	21.67	23.89	.3779	.3257			
		3	7	20	1.14	9.33	19.10	1.67	3.89	11.11					
STARNBERG	189	7	31	20	8.40	27.50	22.50	3.70	16.40	10.58	.2108	.0725	7.7452	20	10
		2	43	49	5.78	39.07	48.47	1.06	22.75	25.93	.3450	.3716			
		0	15	22	0.99	10.18	26.10	-	7.94	11.64					
TRAUNSTEIN	112	6	25	9	8.95	20.56	11.81	5.36	22.32	8.04	.2827	.0880	3.9488	50	30
		6	27	23	5.57	25.69	22.15	5.36	24.11	20.54	.3247	.3046			
		0	7	9	0.87	6.01	10.39	-	6.25	8.04					
VILSBIBURG	46	1	10	4	2.59	6.69	4.32	2.17	21.74	8.70	.2373	.0673	6.4199	20	10
		0	12	8	1.47	10.39	10.97	-	26.09	17.39	.3066	.3889			
		0	4	7	0.21	2.41	6.96	-	8.70	15.22					

Ich danke Herrn Professor Dr. Dr. Dr. h.c. K. Saller für die Überlassung des Themas, Herrn Privatdozenten Dr. Dr. F. Schwarzfischer für die Unterstützung der Arbeit.

Ferner bin ich Herrn Dr. T. E. Cleghorn, Sutton (England) für wertvolle Hinweise sowie insbesondere Herrn Dr. J. H. Edwards, Birmingham (England) für die Unterstützung bei einem Teil der statistischen Berechnungen zu Dank verpflichtet.

Mein besonderer Dank gilt der Deutschen Forschungsgemeinschaft, ohne deren Sachbeihilfe die Durchführung dieser Arbeit nicht möglich gewesen wäre.

LITERATURVERZEICHNIS

- Allen, F.H.,
Corcoran, P.,
Kenton, H.B. and
Breare, N.: M^S , a new blood group antigen in the
MNS system. Vox Sang. 3, 81 (1958)
- Baitsch, H. und
Liebrich, K.G. Die Haptoglobintypen. 2 Mitteilungen.
Blut VII, 27 und 69 (1961)
- Bodart, F. und
Speiser, P.: Über einen Antikörper gegen das erbliche
Blutkörperchenmerkmal S, vergesellschaftet mit Wärme-Autoantikörpern bei
einer erworbenen hämolytischen Anämie.
Blut I, 189 (1955)
- Cleghorn, T.E.: MNSS gene frequencies in English blood
donors. Nature 187, 701 (1960)
- Cleghorn, T.E.: The frequency of the W_r^a , By and M^S
blood group antigens in blood donors
in the South of England. Vox Sang. 5,
556 (1960)
- Cleghorn, T.E.: Two human blood group antigens St^a
(Stones) and Ri^a (Ridley), closely
related to the MNSS system. Nature
195, 297 (1962)
- Cleghorn, T.E.: Persönliche Mitteilung (1963)
- Collins, J.O.,
Sanger, R.,
Allen, F.H., Jr.
Race, R.R.: Nine blood-group antibodies in a single
serum after multiple transfusions.
Brit. Med. J. I, 1297 (1950)
- Constantoulis, N.C.,
Paidoussis, M. and
Dunsford, I.: A naturally occurring anti-S agglutinin.
Vox Sang. 5, 143 (1955)
- Coombs, H.I.,
Ikin, E.W.,
Mourant, A.E. and
Plaut, G.: Agglutinin anti-S in human serum.
Brit. Med. J. I, 109 (1951)
- Cutbush, M. and
Mollison, P.L.: Haemolytic transfusion reaction due
to anti-S. Lancet II, 102 (1949)

- Edwards, J.H.: Persönliche Mitteilungen (1963, 1965 und 1966)
- Fisher, R.A. and Yates, F.: Statistical tables for biological, agricultural and medical research. Oliver & Boyd, Edinburgh-London 1953
- Fudenberg, H. and Allen, F.H.: A blood group antibody anti-s: a third example. Vox Sang. 2, 133 (1957)
- Giblett, E., Chase, J. and Crealock, F.W.: Haemolytic disease of the newborn resulting from anti-s antibody. Amer. J. Clin. Path. 29, 254 (1958)
- Glass, B.: Genetic aspects in human populations, especially those due to gene flow and genetic drift. Advance Genetics Vol. VI, 95 (1954)
- Greenwalt, T.J., Sanger, R., Sasaki, T., Sneath, J. and Race, R.R.: An allele of the S(s) blood group genes. Proc. Nat. Acad. Sci., Wash., 40, 1126 (1954). Zit. bei Schwarzfischer und Liebrich
- Hackel, E.: Elution of anti-U from SS and ss cells. Vox Sang. 3, 92 (1958)
- Hässig, A. und Leya, A.: Über das Auftreten von Begleitantikörpern gegen die Blutfaktoren M und S im Verlaufe einer Rhesusimmunisierung. Klin. Wschr. 31, 31 (1953)
- Hart, M.v.d., Veer, M.v.d., Loghem, J.J.v., Sanger, R. and Race, R.R.: Vr, an antigen belonging to the MNSS blood group system. Vox Sang. 3, 261 (1958)
- Henningsen, K. and Jacobsen, T.: A probable mutation within the MN blood group system. Acta path. microbiol. Scand. 35, 240 (1954)
- Herbich, J.: Die Verteilung der Blutfaktoren S-s in der Bevölkerung von Wien und Umgebung. Zschr. gerichtl. Med. 51, 506 (1961)

- Hirszfeld, L. and
Hirszfeld, H.: Serological differences between the blood of different races. The result of researches on the Macedonian front. *Lancet* 197, II, 675 (1919). Zit. bei Steffan
- Jack, J.A.,
Tippett, P.,
Noades, J.,
Sanger, R. and
Race, R.R.: M₁, a subdivision of the human blood-group antigen M. *Nature* 186, 642 (1960)
- Klose, J.: Untersuchungen zur Populationsgenetik der gruppenspezifischen Komponente (Gc) in Südbayern. Diss. Naturw. Fak. München 1959
- Kout, M.: Bestimmung der Blutgruppen A₁A₂BO, MNS, P, Rh/Hr, Kell und Duffy^a in der Prager Bevölkerung. *Blut* V, 205 (1959)
- Kulich, Vl.: Frequenz der Gene MNSs bei Blutspendern im Kreise Pilsen. *Blut* X, 368 (1964)
- Landsteiner, K. and
Levine, P.: Further observations on individual differences of human blood. *Proc. Soc. Exp. Biol. (Med.)*, N.Y., 24, 941 (1927)
- Landsteiner, K. and
Levine, P.: A new agglutinable factor differentiating individual human bloods. *Proc. Soc. Exp. Biol. (Med.)*, N.Y., 24, 600 (1927)
- Landsteiner, K. and
Levine, P.: On the inheritance of agglutinogens of human blood demonstrable by immune agglutinins. *J. exp. Med.* 48, 731 (1928)
- Levine, P.,
Ferraro, L.R. and
Koch, E.: Hemolytic disease of the newborn due to anti-S. *Blood* 7, 1030 (1952)
- Levine, P.,
Kuhmichel, A.B.,
Wigod, M. and
Koch, E.: A new blood factor, s, allelic to S. *Proc. Soc. Exp. Biol. (Med.)*, N.Y., 78, 218 (1951)
- Levine, P.,
Robinson, E.A.,
Layrisse, M.,
Arends, T. and
Dominguez Sisco, R.: The Diego blood factor. *Nature* 177, 40 (1956)

- Loghem, J.J.v.,
Hart, M.v.d., and
Cornelis, J.: A new example of the anti-S agglutinin.
Brit. Med. J. II, 1383 (1951)
- Martin-Saller: Lehrbuch der Anthropologie. Gustav
Fischer Verlag, Stuttgart. 3. Aufl.
1960
- Meier, G.: Populationsgenetische Untersuchungen
zur Frage regionaler Unterschiede in
der Verteilung der Blutmerkmale M und
N in Oberbayern. Diss. Med. Fak. Mün-
chen 1963
- Mohn, J.F.,
Lambert, R.M.,
Rosamilia, H.G.,
Wallace, J.,
Milne, G.R.,
Moores, Ph.,
Sanger, R. and
Race, R.R.: On the relationship of the blood group
antigens Mi^a and Vw to the MNSS system.
Amer. J. Human Genetics 10, 276 (1958)
- Mollison, Th.: Zit. n. Martin-Saller
- Mollison, P.L.: Blood Transfusion in Clinical Medicine.
Blackwell Scientific Publications, Ox-
ford 1951. Zit.n. Schwarzfischer und
Liebrich
- Morton, N.E. and
Chung, C.W.: Are the MN blood groups maintained by
selection? Amer. J. Human Genetics 11,
237 (1959)
- Mourant, A.E.: The Distribution of the Human Blood
Groups. Blackwell Scientific Publica-
tions, Oxford 1954
- Mourant, A.E.,
Kopec, A.C., and
Domaniewska-
Sobczak, K.: The ABO Blood Groups. Blackwell Scienti-
fic Publications, Oxford 1958
- Mourant, A.E.: Blood groups and anthropology. Brit.
Med. Bull. 15, 140 (1959)
- Nuttal Zit n. Martin-Saller
- O'Riordan, J. and
Cann, J.: Potent anti-s in pregnancy. Vox Sang.
4, 242 (1959)
- Pickles, M.M.: A further example of the anti-S agglu-
tinin. Nature 162, 66 (1948)

- Prokop, O. und Uhlenbruck, G.: Lehrbuch der menschlichen Blut- und Serumgruppen. Edition Leipzig 1963
- Race, R.R., Holt, H.A., Gorius, L. and Bessis, M.: Une agglutinine anti-S à la suite de transfusions répétées. *Compt. rend. Soc. biol., Paris*, 143, 980 (1949)
- Race, R.R. and Sanger, R.: Blood groups in man. Deutsche Übersetzung von O. Prokop. Georg Thieme Verlag, Stuttgart 1958
- Race, R.R. and Sanger, R.: Blood groups in man. Blackwell Scientific Publications, Oxford 1962
- Race, R.R., Sanger, R., Lawler, D. and Bertinshaw, D.: The inheritance of the MNS blood groups: a second series of families. *Heredity* 3, 205 (1949)
- Raestrup, G.: Die Blutgruppenkunde in der gerichtlichen Medizin. In: Steffan, Lehrbuch der Blutgruppenkunde
- Rasch, H.L.: Die Verteilung der Blutgruppen und Untergruppen in Oberbayern unter Einschluss von München. *Blut* VI, 257 (1960)
- Saller, K.: Leitfaden der Anthropologie. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1964
- Sampson, C.C., Thomas, C. and Griffin, S.: Isosensitization to the U factor. *J. Amer. Med. Ass.* 171, 1203 (1959)
- Sanger, R. and Race, R.R.: Subdivisions of the MN blood groups in man. *Nature* 160, 505 (1947)
- Sanger, R., Race, R.R., Walsh, R.J. and Montgomery, C.: An antibody which subdivides the human blood groups. *Heredity* 2, 131 (1948)
- Sanger, R. and Race, R.R.: The MNSs blood group system. *Amer. J. Human Genetics* 3, 332 (1951)
- Sanger, R., Race, R.R., Rosenfield, R.E. and Vogel, P.: A serum containing anti-s and anti-Jk^b. *Vox Sang.* 3, 71 (1953)

- Schwarzfischer, F.: Populationsgenetische Untersuchungen zur Frage regionaler Unterschiede in der Verteilung der Blutgruppen ABO in Südbayern. Diss. Naturw. Fak. München 1959
- Schwarzfischer, F.: Untersuchungen zur Sero-Anthropologie Südbayerns. Habilitationsschrift zur Erlangung der venia legendi in der Naturw. Fak. München 1960
- Schwarzfischer, F. und Baitsch, H.: Zur Biometrie und geographischen Verteilung der Leistenzahlen in den Interdigitalfeldern der Handfläche. Homo 10, 226 (1960)
- Schwarzfischer, F. und Liebrich, K.G.: Zur Serologie, Genetik und Populationsgenetik der MNSS-Typen; ihre Häufigkeit im süddeutschen Raum. Acta genet. statist. med. 11, 317 (1961)
- Sheppard, P.M.: Blood groups and natural selection. Brit. Med. Bull. 15, 134 (1959)
- Simmons, R.T.: Als persönliche Mitteilung (1957) zit. bei O'Riordan and Cann (1959)
- Speiser, P.: Das Blutkörperchenmerkmal-System S-s. Blut I, 185 (1955)
- Steffan, P.: Handbuch der Blutgruppenkunde. J. F. Lehmanns Verlag, München 1932
- Stern, C.: Principles of Human Genetics. W. H. Freeman and Co., San Francisco und London 1960 (2. Aufl.)
- Swanson, J. and Matson, G.A.: Mt^a, a 'new' antigen in the MNSS system. Vox Sang. 7, 585 (1962)
- Vogel, F.: Lehrbuch der allgemeinen Humangenetik. Springer-Verlag, Berlin-Göttingen-Heidelberg 1961
- Vogel, F.: Zur Theorie der natürlichen Selektion im ABO-Blutgruppensystem. Zweiter internationaler Kongress für Humangenetik, Rom 1961. Excerpta Medica Foundation, Amsterdam-London-Mailand-New York

- Vogel, P. and
Rosenfield, R.E.: Personal communication (1950). Zit.
bei Race, R.R. and Sanger, R. (1958)
- Wallace, J.,
Milne, G.R.,
Mohn, J.,
Lambert, R.M.,
Rosamilia, H.G.,
Moore, Ph.,
Sanger, R. and
Race, R.R.: Blood group antigens Mi^a and Vw and
their relation to the MNSS system.
Nature 179, 478 (1957)
- Walsh, R.J. and
Montgomery, C.: A new human isoagglutinin subdividing
the MN blood groups. Nature 160, 504
(1947)
- Walter, H.: Zur Frage sozialer Unterschiede in der
Verteilung der ABO-, MN- und Rh-Faktoren.
Blut IX, 1 (1963)
- Wiener, A.S.: Serology, genetics and nomenclature of
the M-N-S types. Acta Genet. Med. et
Gemell. 3, 314 (1954)
- Wiener, A.S.,
Unger, L.J. and
Gordon, E.B.: Fatal hemolytic transfusion reaction
caused by sensitization to a new blood
factor U. J. Amer. Med. Ass. 153, 1444
(1953)
- Wiener, A.S.,
Unger, L.J. and
Cohen, L.: Distribution and heredity of blood
factor U. Science 119, 734 (1954)
- Wiener, A.S. and
Vaisberg, M.: Heredity of the agglutinogens M and N
of Landsteiner and Levine. J. Immunol.
20, 371 (1931)
- Wright, S.: The genetical structure of populations.
Ann. Eugen. 15, 323 (1950)
- Ziegelmayr, G. und
Liebrich, K.G.: Statistische Untersuchungen zur Augen-
farbenverteilung im südbayerischen Raum
unter Anwendung der nach Anscombe modifi-
zierten Winkeltransformation. Acta
genet. statist. med. 9, 133 (1958)

LEBENS LAUF

Am 6. Oktober 1938 wurde ich als erstes Kind des Notariatsamtmanns Alfons Meier und seiner Ehefrau Anna, geb. Lindner, in Lohr am Main geboren. Dort besuchte ich die Volksschule in den Jahren 1944 bis 1948 und trat anschließend in das humanistische Gymnasium über. Nach dem Umzug unserer Familie nach München besuchte ich ab 1954 das Maximiliansgymnasium, an dem ich 1957 die Reifeprüfung ablegte.

Im Wintersemester 1957/58 nahm ich an der Universität München das Studium der Medizin auf, das ich 1963 mit dem Staatsexamen abschloß. Danach war ich als Medizinalassistent tätig und studierte Anthropologie und Humangenetik im Zweitstudium. Zum 31. Dezember 1965 erhielt ich die Bestallung als Arzt. Seit 19. Dezember 1964 bin ich verheiratet mit Elena Maria Damaskos.

